

(12)特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(19)世界知的所有権機関
国際事務局



(43)国際公開日
2001年9月13日 (13.09.2001)

PCT

(10)国際公開番号
WO 01/66737 A1

- (51) 国際特許分類: C12N 15/12, C07K 16/18, A61K 39/395, 38/03, A61P 35/02
- (21) 国際出願番号: PCT/JP01/01912
- (22) 国際出願日: 2001年3月12日 (12.03.2001)
- (25) 国際出願の言語: 日本語
- (26) 国際公開の言語: 日本語
- (30) 優先権データ:
09/523,095 2000年3月10日 (10.03.2000) US
特願2000-115246 2000年4月17日 (17.04.2000) JP
特願2000-321822 2000年10月20日 (20.10.2000) JP
- (71) 出願人(米国を除く全ての指定国について): 中外製薬株式会社 (CHUGAI SEIYAKU KABUSHIKI KAISHA) [JP/JP]; 〒115-8543 東京都北区浮間五丁目5番1号 Tokyo (JP).
- (72) 発明者; および
- (75) 発明者/出願人(米国についてのみ): 福島直 (FUKUSHIMA, Naoshi) [JP/JP]. 土屋政幸 (TSUCHIYA, Masayuki) [JP/JP]. 大枝匡義 (OH-EDA,
- Masayoshi) [JP/JP]. 宇野慎介 (UNO, Shinsuke) [JP/JP]. 菊地康文 (KIKUCHI, Yasufumi) [JP/JP]; 〒412-8513 静岡県御殿場市駒門一丁目135番地 中外製薬株式会社内 Shizuoka (JP).
- (74) 代理人: 高木千嘉, 外 (TAKAGI, Chiyoji et al.); 〒102-0083 東京都千代田区麹町一丁目10番地 麹町広洋ビル Tokyo (JP).
- (81) 指定国(国内): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.
- (84) 指定国(広域): ARIPO 特許 (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SI, SZ, TZ, UG, ZW), ヨーラシア特許 (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ特許 (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR), OAPI 特許 (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類:
— 國際調査報告書

[続葉有]

(54) Title: POLYPEPTIDE INDUCING APOPTOSIS

(54) 発明の名称: アポートシスを誘起するポリペプチド

(57) Abstract: A reconstituted polypeptide characterized by inducing apoptosis in nuclear blood cells having integrin associated protein (IAP) without causing the agglutination of erythrocytes. This reconstituted polypeptide contains at least two H chain V domains and at least two L chain V domains of a monoclonal antibody which induces apoptosis in nuclear blood cells having IAP. This reconstituted polypeptide is useful as a remedy for blood diseases such as leukemia.

(57) 要約:

本発明は、Integrin Associated Protein (IAP) を有する有核血液細胞にアポートシスを誘起し、且つ赤血球凝集を起こさない特性を有する、再構成ポリペプチドに関する。この再構成ポリペプチドは、IAPを有する有核血液細胞にアポートシスを誘起するモノクローナル抗体のH鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以上含む。当該再構成ポリペプチドは、白血病等の血液疾患の治療薬として有用である。

WO 01/66737 A1



2文字コード及び他の略語については、定期発行される各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイダンスノート」を参照。

明細書

アポトーシスを誘起するポリペプチド

技術分野

5 本発明は、Integrin Associated Protein (IAP) を有する有核血液細胞にア
ボトーシスを誘起し、且つ赤血球凝集を起こさない特性を有する再構成ポリペプ
チドに関する。さらに詳しくは、IAPを有する有核血液細胞にアポトーシスを
誘起する、モノクローナル抗体のH鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以
上含む再構成ポリペプチドに関する。当該再構成ポリペプチドは、白血病等の血
10 液疾患の治療薬として有用である。

背景技術

特願平9-67499号公報は、脾臓間質細胞を識別し得る特定の抗体を開発
することを目標として当該脾臓間質細胞株を感作抗原とするモノクローナル抗体
15 の作製を試み、抗原としてマウス Integrin Associated Protein (マウス IAP)
を認識する新規モノクローナル抗体の取得を記載している。また、特願平9
-67499号公報は、モノクローナル抗体が骨髄系細胞にアポトーシスを誘起
する特性を有することを開示している。

WO 99/12973は、ヒトの Integrin Associated Protein (以下ヒト I
20 APとする; J. Cell Biol., 123, 485-496, 1993 にアミノ酸配列及び塩基配列
が記載; Journal of Cell Science, 108, 3419-3425, 1995) を抗原とするモノク
ローナル抗体であって、当該ヒト IAP を有する有核血液細胞 (骨髄系細胞及び
リンパ球) にアポトーシスを誘起させる特性を有するモノクローナルMABL-
1抗体、MABL-2抗体、これを産生するハイブリドーマ、MABL-1 (F
25 ERM BP-6100) 及びMABL-2 (FERM BP-6101) を記
載している。

特願平11-63557号公報は、ヒト IAP を抗原とするモノクローナル抗
体から、ヒト IAP を有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起する特性を有す

る一本鎖のFv領域を有する一本鎖Fvを得たことを開示している。

しかし、IAPを抗原とするモノクローナル抗体の投与は、IAPを有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起するものの、in vitro で赤血球の凝集作用もたらす。これは、IAPを抗原とするモノクローナル抗体を多量に生体内に投与した場合、赤血球の凝集という弊害が生じる可能性があることを示唆するものである。
5

発明の開示

本発明の課題は、Integrin Associated Protein (IAP) を有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起する特性が向上し、且つ赤血球の凝集が低減されたか又は全く生じない再構成ポリペプチドを提供することである。また、本発明の他の課題は、前記得られた Integrin Associated Protein (IAP) を有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起する物質を含有する血液疾患治療薬を提供することである。
10

従って、本発明は、Integrin Associated Protein (IAP) に結合し、IAPを有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起し、且つ赤血球凝集を起こさない再構成ポリペプチドに関する。
15

本発明はまた、改変抗体である再構成ポリペプチドに関する。

改変抗体は、IAP (好ましくはヒトIAP) を有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起するモノクローナル抗体 (例えば、MABL-1抗体、MABL-2抗体など) のL鎖V領域及びH鎖V領域を含み、IAP (好ましくはヒトIAP) を有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起し、且つ赤血球凝集を起こさない再構成ポリペプチドであればいかなるものでもよい。さらに本発明には、このV領域のアミノ酸配列の一部を改変した再構成ポリペプチドも含まれる。
20

本発明はまた、前記再構成ポリペプチドのヒト型化に関するものであり、ヒト型化再構成ポリペプチドはヒト型化H鎖V領域及び／又はヒト型化L鎖V領域を含む。詳細には、ヒト型化再構成ポリペプチドは、ヒトモノクローナル抗体L鎖V領域のフレームワーク領域 (FR) とマウスモノクローナル抗体のL鎖V領域
25

の CDR を含むヒト型化 L鎖 V 領域及び／又はヒトモノクローナル抗体 H鎖 V 領域の FR とマウスモノクローナル抗体の H鎖 V 領域の CDR を含むヒト型化 H鎖 V 領域から構成される。この場合、CDR および FR のアミノ酸配列を一部改変（例えば、欠失、置換又は付加）してもよい。

5 さらに本発明は、ヒトモノクローナル抗体 L鎖 C 領域とマウスモノクローナル抗体の L鎖 V 領域及び／又はヒトモノクローナル抗体 H鎖 C 領域とマウスモノクローナル抗体の H鎖 V 領域を含んで成る、IAP（好ましくはヒト IAP）を有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起する再構成ポリペプチドに関する。

10 本発明はまた、上記マウス CDR に相当する、マウス以外の哺乳動物（例えば、ヒト、ラット、ウシ、ヒツジ、サルなど）のモノクローナル抗体由来の CDR、又は当該 CDR を含有する H鎖 V 領域及び L鎖 V 領域を含んで成る、IAP（好ましくはヒト IAP）を有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起する再構成ポリペプチドに関する。そのような CDR、H鎖 V 領域及び L鎖 V 領域には、例えばトランスジェニックマウス等から作製されたヒトモノクローナル抗体由来の CDR、該 CDR を含有するヒトモノクローナル抗体由来の H鎖 V 領域及び L鎖 V 領域も包含される。

15 本発明はまた、前記種々の再構成ポリペプチドをコードする DNA、該 DNA を含んで成る組換えベクターを製造する遺伝子工学的方法に関する。

20 本発明はまた、該組換えベクターにより形質転換された宿主に関する。宿主は、例えばヒト細胞、マウス細胞などの動物細胞、又は大腸菌、枯草菌、酵母などの微生物である。

本発明はまた、上記の宿主を培養し、培養物から再構成ポリペプチドを採取することを特徴とする、再構成ポリペプチドの製造方法に関する。

25 さらに本発明は、一本鎖 Fv を產生する宿主動物細胞を無血清培地で培養して該培地中に一本鎖 Fv を分泌させ、該培地中で形成された一本鎖 Fv のダイマーを精製することを特徴とする一本鎖 Fv のダイマーの製造方法に関する。

本発明はまた、前記得られた Integrin Associated Protein (IAP) を有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起する再構成ポリペプチドを有効成分として

含有する血液疾患治療薬に関する。本発明の血液疾患治療薬は、例えば急性骨髓性白血病、慢性骨髓性白血病、急性リンパ性白血病、慢性リンパ性白血病、成人T細胞白血病、多発性骨髓腫、Mixed Leukemia、Hairy cell Leukemia 等の白血病、悪性リンパ腫（Hodgkin 病、非 Hodgkin リンパ腫）、再生不良性貧血、骨髓異形成症候群、真性多血症などの血液疾患の治療に有用である。
5

本発明の再構成ポリペプチドは、好ましくはモノクローナル抗体に由来するH鎖V領域を2つ及びL鎖V領域を2つ含む。当該再構成ポリペプチドの構成としては、好ましくは1つのH鎖V領域及び1つのL鎖V領域を含む一本鎖Fvのダイマー又は2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含むポリペプチドとすることができる。該再構成ポリペプチド中において、H鎖およびL鎖のV領域は、1個以上のアミノ酸からなるペプチドリンカーを介して連結されているのが好ましい。これらの再構成ポリペプチドは、モノクローナル抗体の可変領域を含有し、且つ相補性決定領域（complementarity determining region；以下CDRとする）を保存し、もとのモノクローナル抗体と同一の特異性をもって抗原に結合する。
10
15

H鎖V領域

本発明において、モノクローナル抗体に由来するH鎖V領域には、IAPを有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起するモノクローナル抗体中のH鎖V領域又はそのH鎖V領域のアミノ酸配列を一部改変したH鎖V領域、好ましくはヒトIAPを認識し、且つIAPを有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起するモノクローナル抗体中のH鎖V領域又はそのH鎖V領域のアミノ酸配列を一部改変したH鎖V領域が含まれるが、MABL-1抗体及びMABL-2抗体に由来するH鎖V領域又はそのH鎖V領域のアミノ酸配列を一部改変したH鎖V領域がより好ましい。さらに好ましくは、ヒトモノクローナル抗体H鎖V領域のFRとマウスモノクローナル抗体のH鎖V領域のCDRを含むヒト型化H鎖V領域である。さらに、組換え技術を使用して作成し得る、前記マウスモノクローナル抗体のH鎖V領域に相当するヒトモノクローナル抗体由来のH鎖V領域も用いることができる。また、本発明のH鎖V領域には、前記H鎖V領域の断片であって、抗
20
25

原結合性を保持する領域も包含される。

L鎖V領域

本発明におけるL鎖V領域には、IAPを有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起するモノクローナル抗体中のL鎖V領域又はそのL鎖V領域のアミノ酸配列を一部改変したL鎖V領域、好ましくはヒトIAPを認識し、且つIAPを有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起するモノクローナル抗体中のL鎖V領域又はそのL鎖V領域のアミノ酸配列を一部改変したL鎖V領域が包含されるが、
5 MABL-1抗体及びMABL-2抗体に由来するL鎖V領域又はそのL鎖V領域のアミノ酸配列を一部改変したL鎖V領域がより好ましい。さらに好ましくは、
MABL-1抗体及びMABL-2抗体に由来するL鎖V領域のFRとマウスモノクローナル抗体のL鎖V領域のCDRを含むヒト型化L鎖V領域である。さらに、組換え技術を使用して
10 作成し得る、前記マウスモノクローナル抗体のL鎖V領域に相当するヒトモノクローナル抗体由來のL鎖V領域も用いることができる。また、本発明のL鎖V領域には、前記L鎖V領域の断片であって、抗原結合性を保持する領域も包含され
15 る。

相補性決定領域（CDR）

L鎖及びH鎖の各V領域は抗原結合部位を形成し、L鎖及びH鎖上の可変領域は共通性のある比較的保存された4個のフレームワークと3個の超可変又は相補佐決定領域（CDR）により連結されている（Kabat, E. A. ら、「Sequences of
20 Proteins of Immunological Interest」 US Dept. Health and Human Services, 1983）。

前記4個のフレームワーク領域（FR）の多くの部分はβ-シート構造をとり、その結果3個のCDRはループを形成し、CDRは場合によりβ-シート構造の一部分を形成することもある。3個のCDRはFRによって相互に立体的に非常に近い位置に保持され、そして対をなす領域の3個のCDRと共に抗原結合部位の形成に寄与する。
25

これらのCDR領域は、得られた抗体のV領域のアミノ酸配列と既知抗体のV領域の既知アミノ酸配列とを照合することによって、Kabat, E. A. ら、

「Sequences of Proteins of Immunological Interest」の経験則から見出すことができる。

一本鎖Fv

一本鎖Fvは、モノクローナル抗体に由来する、連結したH鎖V領域及びL鎖V領域を含むポリペプチドのモノマーであり、得られる一本鎖Fvはもとのモノクローナル抗体の可変領域を含有し、相補性決定領域を保存するため、もとのモノクローナル抗体と同一の特異性をもって抗原に結合する（特願平11-63557号公報）。さらに、本発明の一本鎖Fvにおいて、前記可変領域および／またはCDRの一部またはそのアミノ酸配列の一部を改変（例えば、欠失、置換又は付加）することができる。本発明の一本鎖Fvを構成するH鎖V領域及びL鎖V領域は上述したものであり、H鎖V領域とL鎖V領域を直接又はリンカー、好ましくはペプチドリンカーを介して連結することができ、その構成としては、[H鎖V領域] - [L鎖V領域]、[L鎖V領域] - [H鎖V領域]のいずれでもよい。本発明においては、これら一本鎖Fvはダイマー、トリマー又はテトラマーを形成させ、本発明の再構成ポリペプチドとすることができる。

一本鎖再構成ポリペプチド

本発明の2つ以上のH鎖V領域及び2つ以上のL鎖V領域を含む一本鎖再構成ポリペプチドは、上述のような2つ以上のH鎖V領域とL鎖V領域をそれぞれ含有する。このポリペプチドにおいて各領域は、該一本鎖再構成ポリペプチドが特定の立体構造、具体的には一本鎖Fvのダイマーが構成する立体構造を模倣し得るよう配置させる必要があり、例えば

[H鎖V領域] - [L鎖V領域] - [H鎖V領域] - [L鎖V領域]

又は

[L鎖V領域] - [H鎖V領域] - [L鎖V領域] - [H鎖V領域]

の順序で各領域が配置され、これらの領域はペプチドリンカーを介して連結される。

リンカー

本発明において、H鎖V領域とL鎖V領域とを連結するリンカーとしては、遺

伝子工学により導入し得る任意のペプチドリンカー、又は合成化合物リンカー、例えば、Protein Engineering, 9(3), 299-305, 1996 に開示されるリンカーを用いることができる。例えば、ペプチドリンカーの場合：

Ser	
5 Gly · Ser	
	Gly · Gly · Ser
	Ser · Gly · Gly
	Gly · Gly · Gly · Ser
	Ser · Gly · Gly · Gly
10 Gly · Gly · Gly · Gly · Ser	
	Ser · Gly · Gly · Gly · Gly
	Gly · Gly · Gly · Gly · Gly · Ser
	Ser · Gly · Gly · Gly · Gly · Gly
	Gly · Gly · Gly · Gly · Gly · Gly · Ser
15 Ser · Gly · Gly · Gly · Gly · Gly · Gly	
	(Gly · Gly · Gly · Gly · Ser) _n
	(Ser · Gly · Gly · Gly · Gly) _n

[nは1以上の整数である]を挙げることができる。リンカーペプチドの長さは、通常1～15アミノ酸であるが、好ましくは2～12アミノ酸、より好ましくは3～10アミノ酸である。これらのリンカーを導入する方法は本発明の再構成ポリペプチドをコードするDNAの構築方法の説明において述べる。

本発明における合成化合物リンカー（化学架橋剤）は、ペプチドの架橋に通常用いられている架橋剤、例えばN-ヒドロキシスクシンイミド（NHS）ジスクシンイミジルスペレート（DSS）、ビス（スルホスクシンイミジル）スペレート（BS³）、ジチオビス（スクシンイミジルプロピオネート）（DSP）、ジチオビス（スルホスクシンイミジルプロピオネート）（DTSSP）、エチレングリコールビス（スクシンイミジルスクシネット）（EGS）、エチレングリコールビス（スルホスクシンイミジルスクシネット）（スルホーEGS）、ジスクシンイ

ミジル酒石酸塩 (D S T)、ジスルホスクシンイミジル酒石酸塩 (スルホーD S T)、ビス [2-(スクシンイミドオキシカルボニルオキシ)エチル]スルホン (B S O C O E S)、ビス [2-(スルホスクシンイミドオキシカルボニルオキシ)エチル]スルホン (スルホーB S O C O E S)などであり、これらの架橋剤
5 は市販されている。

特に、一本鎖Fvのダイマーを形成させる場合、宿主細胞で產生された一本鎖モノマーを培地等の溶液中で、20%以上、好ましくは50%以上、さらに好ましくは80%以上、最も好ましくは90%以上ダイマー化するのに適したリンカーを選択することが好ましく、具体的には2~12アミノ酸、より好ましくは3~10アミノ酸、またはこれに相当する他のリンカーが好ましい。
10

再構成ポリペプチドの製造

ヒトIAPを有する細胞に結合する再構成ポリペプチドは、ヒトIAPに対するモノクローナル抗体のH鎖V領域とL鎖V領域とを前述のリンカーを介して連結することにより得られる。一本鎖Fvの例として、MABL-1抗体に由来するH鎖V領域とL鎖V領域を有するものをMABL1-scFv、MABL-2抗体に由来するH鎖V領域とL鎖V領域を有するものをMABL2-scFvとする。
15

これらの再構成ポリペプチドを製造するにあたり、該ポリペプチドが分泌性であることを所望する場合は、そのN-末端にシグナルペプチドを付加することができる。また、該ポリペプチドの効率的精製のために、ポリペプチド精製において有用である公知の配列、例えばFLAG配列などを挿入することができる。この場合、抗FLAG抗体を用いてポリペプチドを効率よく精製することができる。
20

本発明の再構成ポリペプチドを作製するためには、再構成ポリペプチドをコードするDNA、即ち一本鎖FvをコードするDNA又は再構成ポリペプチドモノマーをコードするDNAを得る必要がある。これらのDNAは、すでに詳細に説明したMABL1-scFv及び/又はMABL2-scFvのH鎖V領域及びL鎖V領域をコードするDNAを用いて、又はこれらのDNAを鑄型とし、その配列内の所望のアミノ酸配列をコードするDNA部分を、その両端を規定するプ
25

ライマー対を用いるPCR法により増幅することにより得ることができる。

各V領域について、アミノ酸配列の一部改変を所望する場合には、PCR法を用いる公知の方法によって1又は数個のアミノ酸が改変された、即ち1もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換もしくは付加されたアミノ酸配列を有するV領域を得ることができる。特定の抗原に対して十分に活性がある再構成ポリペプチドを作製するために、PCR法を用いる公知の方法によって前記V領域のアミノ酸配列の一部を改変することが望ましい。

PCRに用いるプライマーを決定するにあたり、前記MABL-1抗体及び／又はMABL-2抗体のH鎖及びL鎖のタイピングをして両鎖の型を決める必要があるが、MABL-1抗体は κ 型L鎖及び γ 1型のH鎖を有し、MABL-2抗体は κ 型L鎖及び γ 2a型のH鎖を有することが明らかになっている（特願平11-63557号公報）。前記MABL-1抗体及び／又はMABL-2抗体のH鎖V領域及びL鎖V領域をコードするDNAをポリメラーゼ連鎖反応（PCR）法を用いて増幅するには、Jones, S. T. ら、Bio/Technology, 9, 88-89, 1991に記載されているプライマーを用いることができる。

次に、ポリメラーゼ連鎖反応（PCR）法を用いてMABL-1抗体及びMABL-2抗体のL鎖V領域を増幅するため、5'-末端オリゴヌクレオチドプライマー及び3'-末端オリゴヌクレオチドプライマーを上述のように決定する。同様にして、MABL-1抗体のH鎖V領域及びMABL-2抗体のH鎖V領域の増幅のため、それぞれ5'-末端プライマー及び3'-末端プライマーを決定する。

その例として本発明においては、5'-末端プライマーはその5'-末端近傍に制限酵素HinfI切断部位を提供する配列GANTCを含有し、そして3'-末端プライマーはその5'-末端近傍に制限酵素XmaI切断部位を提供するヌクレオチド配列CCCGGGを含有するものを使用している。これらの制限酵素切断部位は可変領域をコードする目的のDNA断片をクローニングベクターにサブクローニングするために用いられる限り、他の制限酵素切断部位でもよい。

特に設計されたPCRプライマーを用いて、MABL-1、MABL-2抗体の各V領域をコードするcDNAをそれらの5'-及び3'-末端において適当な

塩基配列を導入して、それらが発現ベクターに容易に挿入されるように、且つそれらが該発現ベクター中で適切に機能するようにした（例えば、本発明ではK。z a k配列の導入により転写効率を上げるために工夫されている）。次に、これらのプライマーを用いてPCRにより増幅して得たMABL-1、MABL-2抗体の各V領域を、所望のヒトC領域をすでに含有するHEF発現ベクター（WO 92/19759参照）に挿入した。クローニングされたDNAの配列決定は任意の常法、例えば、適當なベクターに挿入し、自動DNAシークエンサー（Applied Biosystems社製）を用いて行うことができる。

本発明の再構成ポリペプチドにおいて、リンカー、例えばペプチドリンカーは次のように導入することができる。即ち、上述のH鎖V領域及びL鎖V領域のためのプライマーと一部相補的な配列を有し、且つ該リンカーのN-末端またはC-末端をコードするようにプライマーを設計し、これを用いてPCRを行うことによって所望のアミノ酸配列および長さを有するペプチドリンカーをコードするDNAを作成することができる。そして、該DNAを介してH鎖V領域及びL鎖V領域をコードするDNAを連結すれば、所望のペプチドリンカーを有する本発明の再構成ポリペプチドをコードするDNAを得ることができる。さらに、1つの再構成ポリペプチドをコードするDNAを得ることができれば、前記DNAを鋳型にして、そして種々のリンカー用のプライマーを設計し、これを用いてPCRを実施すれば、所望のペプチドリンカーを有する再構成ポリペプチド又はリンカーハーを有さない再構成ポリペプチドをコードするDNAは容易に得ることができる。

また、本発明における再構成ポリペプチドの各鎖V領域は、従来の技術（例えば、Sato, K. ら、Cancer Res., 53, 851-856 (1993)を参照のこと）を用いることによって、ヒト型化することが可能であり、また一旦ヒト型化Fv領域をコードするDNAが作製されれば、ヒト型化一本鎖Fv、ヒト型化一本鎖Fv断片、ヒト型化モノクローナル抗体あるいはヒト型化モノクローナル抗体断片は、常法に従って容易に作出する事が可能である。さらに、必要な場合、これらのV領域のアミノ酸配列の一部を改変することも可能である。

さらに、遺伝子工学における慣用技術を用いて上述のマウス由来のH鎖V領域及びL鎖V領域をコードするDNAと同様に、これらに相当する他の哺乳動物由来のDNA、例えばヒト由来のDNAを得ることができる。得られたDNAを用いて、他の哺乳動物、特にヒト由来のH鎖V領域及びL鎖V領域、ヒト由来の一本鎖Fv及びその断片、並びにヒト由来のモノクローナル抗体及びその断片を得ることができる。
5

以上のように、目的とする再構成ポリペプチドの各鎖V領域、ヒト型化再構成ポリペプチドの各鎖V領域をコードするDNAが作製されれば、それらを含有する発現ベクター、及び該発現ベクターにより形質転換された宿主を常法に従って得ることができる。また、常法に従って宿主を培養し、產生した再構成一本鎖Fv、再構成ヒト型化一本鎖Fv、ヒト型化モノクローナル抗体及びヒト型化モノクローナル抗体断片は、細胞内又は細胞外から分離し均一にまで精製することができる。この場合、通常の蛋白質で用いられる分離・精製方法、例えば各種クロマトグラフィー、限外濾過、塩析、透析等を適宜選択、組合せて、本発明の再構成ポリペプチドを分離・精製することができるが、これらに限定されるものではない。
10
15

再構成一本鎖Fvを動物細胞、例えば、COS7細胞、CHO細胞などの動物培養細胞、好ましくはCHO細胞で產生する場合、無血清培地で該再構成一本鎖Fvを產生させると、培地中で効率よく該一本鎖Fvのダイマーを形成することができる。さらに、該ダイマーを精製する際には、形成されたダイマーを安定的に高収率で回収することができると共に長期間、ダイマーの状態で保存することができる。この場合に用いることができる無血清培地は、通常組み換えタンパク質の產生に用いられている培地であればいかなるものでもよく、特に限定されるものではない。
20

ヒトIAPを有する細胞に結合する本発明の再構成ポリペプチドの製造のために任意の発現系、例えば真核細胞、例えば動物細胞、例えば樹立された哺乳類細胞系、真糸状菌細胞、及び酵母細胞、並びに原核細胞、例えば細菌細胞、例えば大腸菌細胞等を使用することができる。好ましくは、本発明の再構成ポリペプチ
25

ドは哺乳類細胞、例えばCOS7細胞又はCHO細胞中で発現される。

これらの場合、哺乳類細胞での発現のために有用な常用のプロモーターを用いることができる。例えば、ヒト・サイトメガロウイルス (Human cytomegalovirus : HCMV) 前期 (immediate early) プロモーターを使用するのが好ましい。HCMVプロモーターを含有する発現ベクターの例には、HCMV-VH-HC γ 1, HCMV-VL-HCK等であって、PSV2neoに由来するプラスミドベクター (国際公開公報WO 92/19759参照) が含まれる。

また、その他に、本発明のために用いることのできる哺乳動物細胞における遺伝子発現のプロモーターとしてはレトロウイルス、ポリオーマウイルス、アデノウイルス、シミアンウイルス40 (SV40) などのウイルスプロモーターやヒト・ポリペプチドチェーン・エロングーション・ファクター1 α (HEF-1 α) などの哺乳動物細胞由来のプロモーターを用いればよい。例えばSV40のプロモーターを使用する場合は、Mulligan, R. C. らの方法 (Nature, 277, 108-114, (1979))、また、HEF-1 α プロモーターを使用する場合は、Mizushima, S. らの方法 (Nucleic Acids Research, 18, 5322, (1990)) に従えば容易に実施することができる。

複製起原 (ori) としては、SV40、ポリオーマウイルス、アデノウイルス、牛パピローマウイルス (BPV) 等の由來のoriを用いることができ、さらに宿主細胞系中での遺伝子コピー数増幅などのため、発現ベクターは選択マークとして、ホスホトランスフェラーゼAPH(3')IIあるいはI(neo)遺伝子、チミジンキナーゼ(TK)遺伝子、大腸菌キサンチンギアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ(Ecogpt)遺伝子、ジヒドロ葉酸還元酵素(DHFR)遺伝子等を含むことができる。

上述のように作成した再構成ポリペプチドの抗原結合活性は、ヒトIAPに対するマウスMABL-1、MABL-2抗体の結合阻害能を指標にして評価することができる。具体的には、マウスMABL-2抗体のヒトIAP抗原への濃度依存的阻害作用の有無を指標にして評価する。

具体的には、本発明の再構成ポリペプチドをコードするDNAを包含する発現ベクターで形質転換した動物細胞、例えばCOS7細胞又はCHO細胞を培養し、前記培養した細胞及び／又はその培養上清、又はこれらから精製した再構成ポリペプチドを用いて抗原への結合を測定する。対照として発現ベクターのみで形質転換した細胞の培養上清などを用いる。ヒト Integrin Associated Protein (IAP) を発現するマウス白血病細胞株L1210細胞に、本発明の再構成ポリペプチドなどの試験試料又は対照の培養上清を加え、例えばフローサイトメトリーを実施して抗原結合活性を評価する。

in vitro でのアポトーシス誘起効果は、ヒト IAP を遺伝子導入した細胞に、前述の再構成ポリペプチドの試験試料を添加し、当該細胞においてヒト IAP 抗原特異的に細胞死を誘導するか否かを評価する。

in vivo でのアポトーシス誘起効果の評価は、次の通りに行う。先ずヒト骨髄腫のモデルマウスを作成し、当該マウスに IAP を有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起するモノクローナル抗体、本発明の再構成ポリペプチドを静脈投与する。対照群には PBS のみを投与する。そして、アポトーシス誘起を、抗腫瘍効果としてマウス血清中のヒト IgG の量の変化及び生存期間によって評価する。

赤血球の凝集作用は、健常人より採取した血液から赤血球浮遊液を調製し、これに種々の濃度の試験試料を添加してインキュベーションし、赤血球の凝集を判定することによって検査する。

本発明の再構成ポリペプチドは、2つ以上のH鎖V領域及び2つ以上のL鎖V領域を含むものであり、1つのH鎖V領域及び1つのL鎖V領域を含む一本鎖Fvのダイマー、トリマーもしくはテトラマー、好ましくはダイマー、又は2つ以上のH鎖V領域及び2つ以上のL鎖V領域を連結したポリペプチドである。このような構成をとることで、もとのモノクローナル抗体の抗原結合部位の立体構造を模倣して、優れた抗原結合性を保持するものと考えられる。

本発明の再構成ポリペプチドは、whole IgG に比べ組織、腫瘍への移行性に優れており、さらに赤血球の凝集という副作用が顕著に低減されたか又は生じないため、例えば急性骨髓性白血病、慢性骨髓性白血病、急性リンパ性白血

病、慢性リンパ性白血病、成人T細胞白血病、多発性骨髓腫、Mixed Leukemia、Hairy cell Leukemia 等の白血病、悪性リンパ腫 (Hodgkin 病、非 Hodgkin リンパ腫)、再生不良性貧血、骨髓異形成症候群、真性多血症などの血液疾患の治療薬としての利用が期待される。また、R I 標識による造影剤としての利用も期待され、
5 R I 化合物やトキシンと結合させることにより、効力を増強させることも可能である。

発明を実施するための最良の形態

次に、本発明を下記の実施例により具体的に説明するが、これにより本発明の
10 範囲が限定されるものではない。

本発明の再構成ポリペプチドの製造方法を、下記の一本鎖Fvの作製を例にして説明する。本発明の再構成ポリペプチドの製造方法において用いる、ヒトIAPに対するマウスMABL-1、MABL-2抗体を産生するハイブリドーマ、
15 MABL-1及びMABL-2は、公的微生物寄託機関である通商産業省工業技術院生命工学工業技術研究所（茨城県つくば市東一丁目1番3号）に、1997年9月11日に、受託番号それぞれFERM BP-6100、FERM BP-6101として国際寄託されている。

実施例1 (ヒトIAPに対するマウスモノクローナル抗体のV領域をコードするDNAのクローン化)
20

ヒトIAPに対するマウスモノクローナル抗体MABL-1及びMABL-2の可変領域をコードするDNAを次のようにしてクローン化した。

1. 1 メッセンジャーRNA (mRNA) の調製

ハイブリドーマMABL-1及びMABL-2からのmRNAを、mRNA Purification Kit (Pharmacia Biotech社製) を用いて調製した。
25

1. 2 二本鎖cDNAの合成

約1μgのmRNAより Marathon cDNA Amplification Kit (CLONTECH社製) を用いて二本鎖cDNAを合成し、アダプターを連結した。

1. 3 抗体可変領域をコードする遺伝子のPCR法による増幅

Thermal Cycler (PERKIN ELMER 社製) を用いて PCR 法を行った。

(1) MABL-1 L鎖V領域をコードする遺伝子の増幅

PCR 法に使用するプライマーは、アダプターの部分配列とハイブリダイズする配列番号：1 に示すアダプタープライマー 1 (CLONTECH 社製)、及びマウスカッパ型 L鎖 C 領域配列とハイブリダイズする配列番号：2 に示す MKC (Mouse Kappa Constant) プライマー (Bio/Technology, 9, 88-89, 1991) を用いた。

PCR 溶液 50 μl は、5 μl の 10 × PCR Buffer II、2 mM MgCl₂、0.16 mM dNTPs (dATP, dGTP, dCTP, dTTP)、2.5 ユニットの DNA ポリメラーゼ AmpliTaq Gold (以上 PERKIN ELMER 社製)、0.2 μM の配列番号：1 に示すアダプタープライマーと 0.2 μM の配列番号：2 に示す MKC プライマー及び MABL-1 由来の二本鎖 cDNA 0.1 μg を含有し、94 °C の初期温度にて 9 分間そして次に 94 °C にて 1 分間、60 °C にて 1 分間及び 72 °C にて 1 分 20 秒間、この順序で加熱した。この温度サイクルを 35 回反復した後、反応混合物を更に 72 °C で 10 分間加熱した。

(2) MABL-1 H鎖V領域をコードする cDNA の増幅

PCR のためのプライマーとして配列番号：1 に示すアダプタープライマー 1、及び配列番号：3 に示す MHC-γ 1 (Mouse Heavy Constant) プライマー (Bio/Technology, 9, 88-89, 1991) を用いた。

cDNA の増幅は、0.2 μM の MKC プライマーの代わりに 0.2 μM の MHC-γ 1 プライマーを用いて増幅した点を除いて、前記 1. 3 (1) において L鎖 V 領域遺伝子の増幅について記載したのと同じ方法により行った。

(3) MABL-2 L鎖V領域をコードする cDNA の増幅

PCR のためのプライマーとして配列番号：1 に示すアダプタープライマー 1、及び配列番号：2 に示す MKC プライマーを用いた。

cDNA の増幅は、MABL-1 由来の二本鎖 cDNA 0.1 μg の代わりに MABL-2 由来の二本鎖 cDNA 0.1 μg を用いて増幅した点を除いて、前記 1. 3 (1) において MABL-1 L鎖 V 領域遺伝子の増幅について記載した

のと同じ方法により行った。

(4) MAB L-2H鎖V領域をコードするcDNAの増幅

PCRのためのプライマーとして配列番号：1に示すアダプタープライマー1、
及び配列番号：4に示すMHC- γ 2aプライマー (Bio/Technology, 9, 88-89,
5 1991) を用いた。

cDNAの増幅は、0.2 μMのMKCプライマーの代わりに0.2 μMのMHC- γ 2aプライマーを用いて増幅した点を除いて、前記1. 3 (3)においてL鎖V領域遺伝子の増幅について記載したのと同じ方法により行った。

1. 4 PCR生成物の精製

10 前記のようにしてPCR法により増幅したDNA断片をQIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN社製) を用いて精製し、1 mM EDTAを含有する10 mM Tris-HCl (pH 8.0) に溶解した。

1. 5 連結及び形質転換

15 上記のようにして調製したMAB L-1由来マウスカッパ型L鎖V領域をコードする遺伝子を含んで成るDNA断片約140 ngをpGEM-T Easyベクター (Promega社製) 50 ngと、30 mM Tris-HCl (pH 7.8)、10 mM MgCl₂、10 mM ジチオスレイトール、1 mM ATP及び3ユニット T4 DNAリガーゼ (Promega社製) を含有する反応混合液中で、1
5 °Cにて3時間反応させ連結した。

20 次に、1 μlの上記連結混合液を大腸菌DH5 α のコンピテント細胞 (東洋紡社製) 50 μlに加え、そしてこの細胞を氷上で30分間、42°Cにて1分間そして再び氷上で2分間静置した。次いで100 μlのSOC培地 (GIBCO BRL社製) を加え、100 μg/mlのアンピシリン (SIGMA社製) を含有するLB (Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Sambrookら、Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) 寒天培地上にこの大腸菌を塗布し、37°Cにて終夜培養して大腸菌形質転換体を得た。

この形質転換体を、50 μg/mlのアンピシリンを含有するLB培地3 ml 中で37°Cにて終夜培養し、そしてこの培養物からQIAprep Spin Miniprep Kit

(QIAGEN 社製) を用いてプラスミドDNAを調製した。

こうして得られた、ハイブリドーマMAB L-1に由来するマウスカッパ型L鎖V領域をコードする遺伝子を含有するプラスミドをpGEM-M1Lと命名した。

5 上記の同じ方法に従って、ハイブリドーマMAB L-1に由来するマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含有するプラスミドを精製DNA断片から作製し、pGEM-M1Hと命名した。

また、ハイブリドーマMAB L-2に由来するマウスカッパ型L鎖V領域をコードする遺伝子を含有するプラスミドを精製DNA断片から作製し、pGEM-
10 M2Lと命名した。

また、ハイブリドーマMAB L-2に由来するマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含有するプラスミドを精製DNA断片から作製し、pGEM-M2Hと命名した。

実施例2 (DNAの塩基配列の決定)

15 前記のプラスミド中のcDNAコード領域の塩基配列の決定は、自動DNAシーケンサー (Applied Biosystem 社製) 及び ABI PRISM Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Applied Biosystem 社製) を用いて、メーカー指定のプロトコールに従って行った。

20 プラスミドpGEM-M1Lに含まれるマウスマAB L-1抗体のL鎖V領域をコードする遺伝子の塩基配列を配列番号：5に示す。

また、プラスミドpGEM-M1Hに含まれるマウスマAB L-1抗体のH鎖V領域をコードする遺伝子の塩基配列を配列番号：6に示す。

また、プラスミドpGEM-M2Lに含まれるマウスマAB L-2抗体のL鎖V領域をコードする遺伝子の塩基配列を配列番号：7に示す。

25 また、プラスミドpGEM-M2Hに含まれるマウスマAB L-2抗体のH鎖V領域をコードする遺伝子の塩基配列を配列番号：8に示す。

実施例3 (CDRの決定)

L鎖及びH鎖のV領域の全般的構造は、互いに類似性を有しており、それぞれ

4つのフレームワーク部分が3つの超可変領域、即ち相補性決定領域（CDR）により連結されている。フレームワークのアミノ酸配列は、比較的良好く保存されているが、一方、CDR領域のアミノ酸配列の変異性は極めて高い（Kabat, E. A. ら、「Sequences of Proteins of Immunological Interest」 US Dept. Health and Human Services, 1983）。

このような事実に基づき、ヒトIAPに対するマウスモノクローナル抗体の可変領域のアミノ酸配列をKabatらにより作製された抗体のアミノ酸配列のデータベースにあてはめ、相同性を調べることによりCDR領域を表1に示す如く決定した。

10

表 1

プラスミド	配列番号	CDR(1)	CDR(2)	CDR(3)
p GEM-M1 L	5	43-58	74-80	113-121
p GEM-M1 H	6	50-54	69-85	118-125
p GEM-M2 L	7	43-58	74-80	113-121
p GEM-M2 H	8	50-54	69-85	118-125

実施例4 (クローン化cDNAの発現の確認 (キメラMABL-1抗体及びキメラMABL-2抗体の作製))

20 4. 1 キメラMABL-1抗体発現ベクターの作製

キメラMABL-1抗体を発現するベクターを作製するため、それぞれマウスマABL-1L鎖及びH鎖V領域をコードするcDNAクローンpGEM-M1L及びpGEM-M1HをPCR法により修飾した。そしてHEF発現ベクター(国際公開公報WO 92/19759参照)に導入した。

25 L鎖V領域のための前方プライマーMLS(配列番号: 9)及びH鎖V領域のための前方プライマーMHS(配列番号: 10)は、各々のV領域のリーダー配列の最初をコードするDNAにハイブリダイズし且つKozakコンセンサス配列(J. mol. Biol., 196, 947-950, 1987)及びHind III 制限酵素部位を有する

ように設計した。L鎖V領域のための後方プライマーMLAS（配列番号：11）及びH鎖V領域のための後方プライマーMHAS（配列番号：12）は、J領域の末端をコードするDNA配列にハイブリダイズし且つスプライスドナー配列及びBamHI制限酵素部位を有するように設計した。

PCR溶液100μlは、10μlの10×PCR Buffer II、2mM MgCl₂、0.16mM dNTPs (dATP、dTTP、dCTP、dGTP)、5ユニットのDNAポリメラーゼ AmpliTaq Gold、0.4μMずつの各プライマー、及び8ngの鑄型DNA (pGEM-M1L及びpGEM-M1H) を含有し、94℃の初期温度にて9分間そして次に94℃にて1分間、60℃にて1分間及び72℃にて1分20秒間、この順序で加熱した。この温度サイクルを35回反復した後、反応混合物を更に72℃で10分間加熱した。

PCR生成物を QIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN 社製) を用いて精製し、Hind III 及びBamHIで消化し、そしてL鎖V領域については、HEF発現ベクターHEF-κに、H鎖V領域についてはHEF発現ベクターHEF-γにそれぞれクローニングした。DNA配列決定の後、正しいDNA配列を有するDNA断片を含むプラスミドをそれぞれHEF-M1L、HEF-M1Hと命名した。

4. 2 キメラMABL-2抗体発現ベクターの作製

cDNAの修飾及びクローニングは、pGEM-M1L及びpGEM-M1Hの代わりにpGEM-M2L及びpGEM-M2Hを鑄型DNAに増幅した点を除いて、前記4. 1において記載したのと同じ方法により増幅及びクローニングを行い、DNA配列決定の後、正しいDNA配列を有するDNA断片を含むプラスミドをそれぞれHEF-M2L、HEF-M2Hと命名した。

4. 3 COS7細胞への遺伝子導入

キメラMABL-1抗体及びキメラMABL-2抗体の一過性発現を観察するため、前記発現ベクターをCOS7細胞において試験した。

(1) キメラMABL-1抗体の遺伝子導入

HEF-M1LとHEF-M1Hベクターを、Gene Pulser 装置 (BioRad 社

製) を用いてエレクトロポレーションにより C O S 7 細胞に同時形質転換した。各DNA (10 μg) と、PBS中 1×10^7 細胞/m1の0.8m1をキュベットに加え、1.5kV、25μFの容量にてパルスを与えた。

室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を、
5 10%のγ-グロブリンフリーウシ胎児血清を含有するD M E M 培養液 (GIBCO
BRL 社製) に加えた。72時間培養の後、培養上清を集め、遠心分離により細胞
破片を除去して回収培養上清を得た。

(2) キメラM A B L - 2 抗体の遺伝子導入

キメラM A B L - 2 抗体遺伝子の導入は、H E F - M 1 L と H E F - M 1 H ベクターの代わりにH E F - M 2 L と H E F - M 2 H ベクターを用いた点を除いて、前記4. 3 (1) に記載したのと同じ方法によりC O S 7 細胞に同時形質転換し、回収培養上清を得た。

4. 4 フローサイトメトリー

抗原への結合を測定するため、前記C O S 7 細胞培養上清を用いてフローサイトメトリーを行った。ヒトI A Pを発現するマウス白血病細胞株L 1 2 1 0 細胞 4×10^5 個に、キメラM A B L - 1 抗体を発現させたC O S 7 細胞の培養上清あるいはキメラM A B L - 2 抗体を発現させたC O S 7 細胞の培養上清あるいはコントロールとしてヒトI g G 1 抗体 (SIGMA 社製) を加え、氷上にてインキュベーション及び洗浄の後、F I T C 標識した抗ヒトI g G 抗体 (Cappel 社製) を加えた。インキュベーション及び洗浄の後、F A C S c a n 装置 (BECTON DICKINSON 社製) にて蛍光強度を測定した。

その結果、キメラM A B L - 1 抗体及びキメラM A B L - 2 抗体は、ヒトI A Pを発現するL 1 2 1 0 細胞に特異的に結合したことにより、これらのキメラ抗体がマウスモノクローナル抗体M A B L - 1 及びM A B L - 2 のそれぞれのV領域の正しい構造を有することが明らかとなった (図1～3)。

実施例5 (再構成M A B L - 1 抗体及び再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F v (s c F v) 領域の作製)

5. 1 再構成M A B L - 1 抗体一本鎖F v の作製

再構成M A B L - 1 抗体一本鎖F v を次の様にして作製した。再構成M A B L - 1 抗体H鎖V領域、リンカー領域、及び再構成M A B L - 1 抗体L鎖V領域をそれぞれP C R法を用いて増幅し、連結することにより、再構成M A B L - 1 抗体一本鎖F v を作製した。この方法を図4に模式的に示す。再構成M A B L - 1 抗体一本鎖F v の作製のために6個のP C Rプライマー（A～F）を使用した。
5 プライマーA、C及びEはセンス配列を有し、プライマーB、D及びFはアンチセンス配列を有する。

H鎖V領域のための前方プライマーV H S（プライマーA、配列番号：13）は、H鎖V領域のN末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つN c o I制限酵素認識部位を有するように設計した。H鎖V領域のための後方プライマーV H A S（プライマーB、配列番号：14）は、H鎖V領域のC末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つリンカーとオーバーラップするように設計した。

10 リンカーのための前方プライマーL S（プライマーC、配列番号：15）は、リンカーのN末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つH鎖V領域のC末端をコードするDNAとオーバーラップするように設計した。リンカーのための後方プライマーL A S（プライマーD、配列番号：16）は、リンカーのC末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つL鎖V領域のN末端をコードするDNAとオーバーラップするように設計した。

15 L鎖V領域のための前方プライマーV L S（プライマーE、配列番号：17）は、リンカーのC末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つL鎖V領域のN末端をコードするDNAにオーバーラップするように設計した。L鎖V領域のための後方プライマーV L A S - F L A G（プライマーF、配列番号：18）は、L鎖V領域のC末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つF L A Gペプチドをコードする配列（Hopp, T. P. ら、Bio/Technology, 6, 1204-1210, 1988）、
20 2個の転写停止コドン及びE c o R I制限酵素認識部位を有するように設計した。

第一P C R段階において3つの反応A-B、C-D及びE-Fを行い、そして各P C R生成物を精製した。第一P C Rから得られた3つのP C R生成物をそれら自体の相補性によりアッセンブルさせた。次に、プライマーA及びFを加えて、
25

再構成M A B L - 1 抗体一本鎖F vをコードする全長D N Aを増幅した（第二P C R）。なお、第一P C Rにおいては、再構成M A B L - 1 抗体H鎖V領域をコードするプラスミドp G E M-M 1 H（実施例2を参照）、G l y G l y G l y
G l y S e r G l y G l y G l y G l y S e r G l y G l y
5 G l y G l y S e r（配列番号：19）からなるリンカー領域をコードするD N A配列（Huston, J. S. ら、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 85, 5879-5883, 1988）を含んで成るプラスミドp S C-D P 1、及び再構成M A B L - 1 抗体L鎖V領域をコードするプラスミドp G E M-M 1 L（実施例2を参照）をそれぞれ鑄型として用いた。

10 第一P C R段階の溶液50 μ lは、5 μ lの10×P C R Buffer II、2 mM Mg C l₂、0.16 mM d N T P s、2.5ユニットのD N Aポリメラーゼ AmpliTaq Gold（以上 PERKIN ELMER 社製）、0.4 μ Mずつの各プライマー及び5 n gの各鑄型D N Aを含有し、94°Cの初期温度にて9分間そして次に94°Cにて1分間、65°Cにて1分間及び72°Cにて1分20秒間、この順序で加熱した。
15 この温度サイクルを35回反復した後、反応混合物を更に72°Cで7分間加熱した。

20 P C R生成物A-B（371 b p）、C-D（63 b p）、及びE-F（384 b p）を QIAquick PCR Purification Kit（QIAGEN 社製）を用いて精製し、第二P C Rでアッセンブルした。第二P C Rにおいて、鑄型として120 n gの第一P C R生成物A-B、20 n gのP C R生成物C-D及び120 n gのP C R生成物E-F、10 μ lの10×P C R Buffer II、2 mM Mg C l₂、0.16 mM d N T P s、5ユニットのD N Aポリメラーゼ AmpliTaq Gold（以上 PERKIN ELMER 社製）を含有する98 μ lのP C R混合液を、94°Cの初期温度にて8分間そして次に94°Cにて2分間、65°Cにて2分間及び72°Cにて2分間、
25 この順序で加熱した。この温度サイクルを2回反復した後、それぞれ0.4 μ MのプライマーA及びFを加えた。そして94°Cの初期温度にて1分間そして次に94°Cにて1分間、65°Cにて1分間及び72°Cにて1分20秒間、この順序で加熱し、この温度サイクルを35回反復した後、反応混合物を72°Cにて7分間加

熱した。

第二PCRにより生じた843bpのDNA断片を精製し、Nco I及びEco R Iで消化し、得られたDNA断片をpSCFVT7ベクターにクローニングした。なお、本発現ベクターpSCFVT7は、大腸菌ペリプラズム分泌発現系に適するpelBシグナル配列(Lei, S. P. ら、J. Bacteriology, 169, 4379-4383, 1987)を含んでいる。DNA配列決定の後、再構成MABL-1抗体一本鎖Fvの正しいアミノ酸配列をコードするDNA断片を含むプラスミドをpscM1と命名した(図5を参照)。本プラスミドpscM1に含まれる再構成MABL-1抗体一本鎖Fvの塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号:20に示す。

次に、哺乳動物細胞にて再構成MABL-1抗体一本鎖Fvを発現するベクターを作製するため、pscM1ベクターをPCR法により修飾した。そして得られたDNA断片をpCHO1発現ベクターに導入した。なお、本発現ベクターpCHO1は、DHFR-△E-rvH-PM1-f(WO92/19759参照)から、Eco RI及びSma I消化により抗体遺伝子を削除し、Eco RI-Not I-BamHI Adaptor(宝酒造社製)を連結することにより構築したベクターである。

PCRに使用するプライマーは、前方プライマーとしてH鎖V領域のN末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つSal I制限酵素認識部位を有する配列番号:21に示すSal-VHSプライマー及び後方プライマーとして第一フレームワーク配列の最後をコードするDNAにハイブリダイズする配列番号:22に示すFRH1antiプライマーを用いた。

PCR溶液100μlは、10μlの10×PCR Buffer II、2mM MgCl₂、0.16mM dNTPs、5ユニットのDNAポリメラーゼAmpliTaq Gold、0.4μMずつの各プライマー、及び8ngの鑄型DNA(pscM1)を含有し、95°Cの初期温度にて9分間そして次に95°Cにて1分間、60°Cにて1分間及び72°Cにて1分20秒間、この順序で加熱した。この温度サイクルを35回反復した後、反応混合物を更に72°Cで7分間加熱した。

PCR生成物をQIAquick PCR Purification Kit(QIAGEN社製)を用いて精製

し、S a l I 及びM b o II で消化し、N末端側再構成M A B L - 1 抗体一本鎖F v をコードするDNA断片を得た。また、p s c M 1 ベクターをM b o II 及びE c o R I で消化し、C末端側再構成M A B L - 1 抗体一本鎖F v をコードするDNA断片を得た。そして、S a l I - M b o II DNA断片及びM b o II - E c o R I DNA断片をp C H O 1 - I g s ベクターにクローニングした。DNA配列決定の後、正しいDNA配列を有するDNA断片を含むプラスミドをp C H O M 1 と命名した(図6を参照)。なお、本発現ベクターp C H O 1 - I g s は、哺乳動物細胞分泌発現系に適するマウスI g G 1シグナル配列(Nature, 332, 323-327, 1988)を含んでいる。本プラスミドp C H O M 1に含まれる再構成M A B L - 1 抗体一本鎖F v の塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：2 3に示す。

5. 2 再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F v の作製

再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F v を前記5. 1に従って作製した。第一P C Rにおいては、p G E M - M 1 Hの代わりに再構成M A B L - 2 抗体H鎖V領域をコードするプラスミドp G E M - M 2 H(実施例2を参照)、及びp G E M - M 1 Lの代わりに再構成M A B L - 2 抗体L鎖V領域をコードするプラスミドp G E M - M 2 L(実施例2を参照)を使用し、再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F v の正しいアミノ酸配列をコードするDNA断片を含むプラスミドp s c M 2を得た。本プラスミドp s c M 2に含まれる再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F v の塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：2 4に示す。

また、p s c M 2 ベクターの修飾により再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F v の正しいアミノ酸配列をコードするDNA断片を含む哺乳動物細胞発現用p C H O M 2 ベクターを得た。本プラスミドp C H O M 2に含まれる再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F v の塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：2 5に示す。

5. 3 C O S 7 細胞への遺伝子導入

再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F v の一過性発現を観察するため、p C H O M 2 ベクターをC O S 7 細胞において試験した。

p C H O M 2 ベクターを、Gene Pulser 装置(BioRad 社製)を用いてエレクト

ロポレーションによりCOS7細胞に形質転換した。DNA(10μg)と、PBS中 1×10^7 細胞/m1の0.8m1をキュベットに加え、1.5kV、25μFの容量にてパルスを与えた。

室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を、
5 10%のウシ胎児血清を含有するIMDM培養液(GIBCO BRL社製)に加えた。

72時間培養の後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去して回収培養上清を得た。

5. 4 COS7細胞培養上清中の再構成MABL-2抗体一本鎖Fvの検出

pCHOM2ベクターを遺伝子導入したCOS7細胞培養上清中における再構成MABL-2抗体一本鎖Fvをウェスタンプロッティング法により確認した。

pCHOM2ベクターを遺伝子導入したCOS7細胞培養上清及びコントロールとしてpCHO1ベクターを遺伝子導入したCOS7細胞培養上清についてSDS電気泳動を行い、REINFORCED NC膜(Schleicher & Schuell社製)に転写した。5%スキムミルク(森永乳業社製)にてブロッキングを行い、
15 0.05%Tween 20-PBSにて洗浄後、抗FLAG抗体(SIGMA社製)を加えた。室温にてインキュベーション及び洗浄の後、アルカリリフォスファターゼ結合抗マウスIgG抗体(Zymed社製)を加え、室温にてインキュベーション及び洗浄後、基質溶液(Kirkegaard Perry Laboratories社製)を添加し、発色させた(図7)。

20 その結果、pCHOM2ベクター導入COS7細胞培養上清中にのみFLAGペプチド特異的なタンパク質が検出され、この培養上清中に再構成MABL-2抗体一本鎖Fvが分泌されていることが明らかとなった。

5. 5 フローサイトメトリー

25 抗原への結合を測定するため、前記COS7細胞培養上清を用いてフローサイトメトリーを行った。ヒトIntegrin Associated Protein(IAP)を発現するマウス白血病細胞株L1210細胞、あるいはコントロールとしてpCOS1ベクターを形質転換したL1210細胞 2×10^5 個に、再構成MABL-2抗体一本鎖Fvを発現させたCOS7細胞の培養上清あるいはコントロールとしてpC

HO 1 ベクターを形質転換したCOS 7 細胞の培養上清を加え、氷上にてインキュベーション及び洗浄の後、マウス抗FLAG抗体（SIGMA 社製）を加えた。インキュベーション及び洗浄の後、FITC標識した抗マウスIgG抗体（BECTON DICKINSON 社製）を加えた。再度インキュベーション及び洗浄の後、FACS canon装置（BECTON DICKINSON社製）にて蛍光強度を測定した。

その結果、再構成MABL-2抗体一本鎖Fvは、ヒトIAPを発現するL1210細胞に特異的に結合したことにより、この再構成MABL-2抗体一本鎖Fvがヒト Integrin Associated Protein に対するアフィニティーを有することが明らかとなった（図8～11）。

10 5. 6 Competitive ELISA

マウスモノクローナル抗体の抗原結合に対する阻害活性を指標に、再構成MABL-2抗体一本鎖Fvの抗原結合活性を測定した。

1 μg/mlに調整した抗FLAG抗体を96ウェルプレートの各ウェルに加え、37°Cにて2時間インキュベートした。洗浄後、1%BSA-PBSにてブロッキングを行った。室温にてインキュベート及び洗浄後、分泌型ヒトイAP抗原遺伝子（配列番号：26）を導入したCOS 7 細胞培養上清をPBSにて2倍希釈したものを各ウェルに加えた。室温にてインキュベート及び洗浄後、100ng/mlに調整したビオチン化MABL-2抗体50 μl及び順次希釈した再構成MABL-2抗体一本鎖Fv発現COS 7 細胞培養上清50 μlを混和したものを各ウェルに加えた。室温にてインキュベート及び洗浄後、アルカリリフォスマターゼ結合ストレプトアビシン（Zymed 社製）を加えた。室温にてインキュベート及び洗浄後、基質溶液（SIGMA 社製）を加え、次に405nmでの吸光度を測定した。

その結果、再構成MABL-2抗体一本鎖Fv（MABL2-scFv）は、コントロールのpCHO1導入COS 7 細胞培養上清に比較して明らかに濃度依存的にマウスMABL-2抗体のヒトイAP抗原への結合を阻害した（図12）。このことから、再構成MABL-2抗体一本鎖Fvは、マウスモノクローナル抗体MABL-2のそれぞれのV領域の正しい構造を有することが示唆された。

5. 7 in vitro でのアポトーシス誘起効果

ヒト IAP を遺伝子導入した L 1 2 1 0 細胞、及びコントロールとして p C O S 1 ベクターを遺伝子導入した L 1 2 1 0 細胞、及び C C R F - C E M 細胞を用い、再構成 M A B L - 2 抗体一本鎖 F v のアポトーシス誘起作用を A n n e x i n - V (BOEHRINGER MANNHEIM 社製) 染色により検討した。

各細胞 1×10^5 個に、再構成 M A B L - 2 抗体一本鎖 F v 発現 C O S 7 細胞培養上清あるいはコントロールとして p C H O 1 ベクター導入 C O S 7 細胞培養上清を終濃度 5 0 % で添加し、2 4 時間培養した。その後、A n n e x i n - V 染色を行い、F A C S c a n 装置 (BECTON DICKINSON 社製) にて蛍光強度を測定した。

A n n e x i n - V 染色による解析の結果を図 1 3 ~ 1 8 にそれぞれ示した。ここで、図の左下の領域にあるドットは生細胞を、右下の領域はアポトーシス初期の細胞を、右上の領域はアポトーシス後期の細胞を示す。その結果、再構成 M A B L - 2 抗体一本鎖 F v (M A B L 2 - s c F v) は L 1 2 1 0 細胞においてヒト I A P 抗原特異的に著しい細胞死を誘導した (図 1 3 ~ 1 6)。また、C C R F - C E M 細胞においてもコントロールに比較して著しい細胞死を誘導した (図 1 7 ~ 1 8)。

5. 8 C H O 細胞における M A B L - 2 抗体由来の一本鎖 F v ポリペプチドの発現

M A B L - 2 抗体由来の一本鎖 F v (ポリペプチド) の恒常的発現 C H O 細胞株を樹立するため、p C H O M 2 ベクターを C H O 細胞に遺伝子導入した。

p C H O M 2 ベクターを、Gene Pulser 装置 (BioRad 社製) を用いてエレクトロポレーションにより C H O 細胞に形質転換した。D N A (1 0 μ g) と P B S に懸濁した C H O 細胞 (1×10^7 細胞 / m l) の 0. 7 m l を混合したものをキュベットに加え、1. 5 k V、2 5 μ F の容量にてパルスを与えた。室温にて 1 0 分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を、1 0 % のウシ胎児血清を含有する核酸不含 α - M E M 培地 (GIBCO BRL 社製) に加え培養した。得られたクローンについて、S D S - P A G E にて目的とするタンパク質の発現

を確認し、発現量の高いクローンをM A B L - 2 抗体由来の一本鎖F v の產生細胞株として選択した。1 0 n M methotrexate (SIGMA 社製) を含む無血清培地CHO-S-SFM II (GIBCO BRL 社製) にて培養後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去して回収培養上清を得た。

5 5. 9 CHO細胞產生のM A B L - 2 抗体由来の一本鎖F v の精製

5. 8で得た一本鎖F v 発現CHO產生株の培養上清を人工透析用カートリッジ (PAN 130 SF、旭メディカル) を用いて約20倍まで濃縮した。濃縮液は-20°Cで保存し、精製時解凍して用いた。

10 CHO細胞培養上清から一本鎖F v の精製は、Blue-sepharose、ハイドロキシアパタイト及びゲル濾過の三種のクロマトグラフィーにより行った。

(1) Blue-sepharose カラムクロマトグラフィー

15 培養上清の濃縮液を20 mM 酢酸緩衝液 (pH 6.0) にて10倍希釈し、遠心分離 (10000 rpm × 30分) により不溶物を除去した。上清を同緩衝液で平衡化したBlue-sepharose カラム (20 ml) に添加し、同緩衝液でカラムを洗净後、同緩衝液中NaCl濃度を0.1、0.2、0.3、0.5及び1.0Mまで段階的に上げ、カラムに吸着した蛋白質を溶出した。SDS-PAGEで素通り及び各溶出画分を分析し、一本鎖F v が確認された画分 (0.1~0.3 M NaCl溶出画分) をプールし、Centriprep-10 (アミコン) を用いて約20倍濃縮した。

20 (2) ハイドロキシアパタイト

(1) の濃縮液を10 mM リン酸緩衝液 (pH 7.0) にて10倍希釈し、ハイドロキシアパタイトカラム (20 ml、BioRad) に添加した。60 mlの10 mM リン酸緩衝液 (pH 7.0) でカラムを洗净後、リン酸緩衝液濃度を200 mMまで直線的に上げ、カラムに吸着した蛋白質を溶出した (図19)。SDS-PAGEにより各画分を分析した結果、画分A及び画分Bに一本鎖F v が確認された。

(3) ゲル濾過

(2) の画分A及びBをそれぞれ Centriprep-10 を用いて濃縮し、0.15 M

N a C 1 を含む 2 0 mM 酢酸緩衝液 (p H 6. 0) で平衡化した T S K g e 1 G 3 0 0 0 SWG カラム (2 1. 5 × 6 0 0 mm) に添加した。クロマトグラムを図 2 0 に示す。得られた画分を S D S - P A G E で分析した結果、いずれも主要ピーグ (A I 、 B I) が目的の一本鎖 F v であり、ゲル濾過で分析した結果、画分 5 A では見かけ上の分子量約 3 6 k D 、画分 B では同 7 6 k D に溶出された。精製した一本鎖 F v (A I 、 B I) を 1 5 % - S D S - ポリアクリルアミドゲルを用いて分析した。サンプルを還元剤添加、非添加で処理し、 L a e m m l i の方法に準じて電気泳動を行い、泳動後蛋白質をクマシープリリアントブルー染色した。図 2 1 に示すように、 A I 、 B I いずれも還元剤の添加の有無に関わらず、見かけ上の分子量約 3 5 k D に単一バンドを与えた。以上の結果から、 A I は一本鎖 F v のモノマーで、 B I は一本鎖 F v の非共有結合性ダイマーと考えられる。画分 A I 及び B I を T S K g e 1 G 3 0 0 0 SW カラム (7. 5 × 6 0 mm) を用いたゲル濾過により分析した結果、画分 A I はモノマーのピーグのみ、画分 B I はダイマーのピーグのみ検出された (図 2 2 を参照)。また、ダイマー画分 (画分 10 B I) は、全一本鎖 F v の約 4 % であった。該ダイマー画分中のダイマーは、その 9 0 % 以上が 4 °C で 1 ヶ月以上安定的に維持された。

5. 10 大腸菌細胞での M A B L - 2 抗体由来の一本鎖 F v ポリペプチド発現ベクターの構築

M A B L - 2 抗体由来の一本鎖 F v を大腸菌細胞体内にて効率的に発現するベクターを作製するため、 p s c M 2 ベクターを P C R 法により修飾した。得られた DNA 断片を p S C F V T 7 発現ベクターに導入した。

P C R に使用するプライマーは、前方プライマーとして H 鎖 V 領域の N 末端をコードする DNA にハイブリダイズし且つ開始コドン及び N d e I 制限酵素認識部位を有する配列番号 : 2 7 に示す N d e - V H S m 0 2 プライマー及び後方プライマーとして L 鎖 V 領域の C 末端をコードする DNA にハイブリダイズし且つ 2 個の停止コドン及び E c o R I 制限酵素認識部位を有する配列番号 : 2 8 に示す V L A S プライマーを用いた。なお、前方プライマーの N d e - V H S m 0 2 は大腸菌細胞体内にて効率的に発現するため、 H 鎖 V 領域の N 末端をコードする D

NAにハイブリダイズする部分に5カ所の点変異を含んでいる。

PCR溶液100μlは、10μlの10×PCR Buffer #1、1mM M g C l₂、0.2mM dNTPs、5ユニットのKOD DNAポリメラーゼ(以上東洋紡社製)、1μMずつの各プライマー、及び100ngの鑄型DNA(pscM2)を含有し、98℃にて15秒間、65℃にて2秒間及び74℃にて30秒間、この順序で加熱した。この温度サイクルを25回反復した。

PCR生成物を QIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN 社製) を用いて精製し、Nde I 及びEcoRIで消化し、得られたDNA断片を pSCFVT7ベクターにクローニングした。なお、本発現ベクター pSCFVT7はNde I 及びEcoRIで消化したことにより pElBシグナル配列が削除されている。DNA配列決定の後、正しいDNA配列を有するDNA断片を含むプラスミドを pscM2DEM02と命名した(図23を参照のこと)。本プラスミド pscM2DEM02に含まれるMABL-2抗体由来の一本鎖Fvの塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号: 29に示す。

5. 1 1 大腸菌細胞におけるMABL-2抗体由来の一本鎖Fvポリペプチドの発現

MABL-2抗体由来の一本鎖Fvポリペプチドを発現する大腸菌株を得るために、pscM2DEM02ベクターを大腸菌BL21(DE3)pLysS (STRATAGENE 社製) に形質転換した。得られたクローンについて、SDS-PAGEにて目的とするタンパク質の発現を検討し、発現量の高いクローンをMABL-2抗体由来の一本鎖Fvポリペプチドの産生株として選択した。

5. 1 2 大腸菌細胞産生のMABL-2抗体由来の一本鎖Fvポリペプチドの精製

形質転換して得られた大腸菌のシングルコロニーをLB培地3mlにて28℃で7時間培養し、これを70mlのLB培地に植え継ぎ、28℃にて一夜培養を行った。このpre-cultureを7LのLB培地に植え継ぎ、ジャーファーメンターを用いて28℃、攪拌速度300rpmにて培養した。O.D. = 1.5のときに1mM IPTGで誘導をかけ、その後3時間培養を行った。

培養液を遠心分離 ($10000 \times g$ 、10分) し、沈殿として回収した菌体に
5 mM EDTA、0.1M NaCl、1% Triton X-100を含む5
0 mM トリス塩酸緩衝液 (pH 8.0) を加え、超音波 (output: 4、duty
cycle: 70%、1分×10回) により菌体を破碎した。この懸濁液を遠心分離 (1
5 $2000 \times g$ 、10分) にかけ、沈殿として回収した封入体に5 mM EDTA、
0.1M NaCl、4% Triton X-100を含む50 mM トリス塩酸
緩衝液 (pH 8.0) を加え、再度超音波処理 (output: 4、duty cycle: 50%、
30秒×2) を行い、遠心分離 ($12000 \times g$ 、10分) により目的蛋白質を沈
殿として回収し、上清にくる夾雜蛋白質を除去した。

10 目的蛋白質を含んだ封入体を6M Urea、5 mM EDTA、0.1M N
aClを含む50 mM トリス塩酸緩衝液 (pH 8.0) に溶解し、4M Urea、
5 mM EDTA、0.1M NaCl、10 mM メルカプトエタノールを
含む50 mM トリス塩酸緩衝液 (pH 8.0) で平衡化したSephadryl
15 S-300 (5×90 cm、アマシャム・ファルマシア社製) ゲルfiltrationカラムに、
流速5 ml/分で添加し、会合している高分子量の一本鎖Fvを除去した。各画
分をSDS-PAGEで分析し、純度の高い画分について、O.D₂₈₀=0.25
になるようにゲルfiltrationで用いた溶媒で希釈後、5 mM EDTA、0.1M Na
Cl、0.5 M Arg、2 mM 還元型グルタチオン、0.2 mM 酸化型グルタ
20 チオンを含む50 mM トリス塩酸緩衝液 (pH 8.0) に対して透析を3回行う
ことにより、巻き戻し操作を行った。さらに0.15M NaClを含む20 mM
酢酸緩衝液 (pH 6.0) に対して3回透析し、溶媒交換を行った。

25 わずかに含まれる分子間でS-S結合で架橋された高分子を分離除去するため、
0.15M NaClを含む20 mM 酢酸緩衝液 (pH 6.0) で平衡化したSuperdex 200 pg (2.6×60 cm、アマシャム・ファルマシア社製) ゲ
ルfiltrationカラムに添加した。図24に示すように、高分子量の会合体と考えられる
ブロードなピークのあと、主要ピークとサブピークの2つのピークが検出された。
SDS-PAGEによる分析 (図21参照) 及びゲルfiltrationの溶出位置から、主要
ピークは一本鎖Fvポリペプチドのモノマーであり、サブピークは非共有結合性

のダイマーと考えられる。なお、形成された非共有結合性のダイマーは、全一本鎖Fvポリペプチドの約4%であった。

5. 13 MABL-2抗体由来の精製一本鎖Fvポリペプチドの in vitro でのアポトーシス誘起効果

5 ヒトIAPを遺伝子導入したL1210細胞(hIAP/L1210)を用い、CHO細胞及び大腸菌細胞産生のMABL-2抗体由来の一本鎖Fvポリペプチド(MABL2-scFv)のアポトーシス誘起作用を、次の2つのプロトコールにてAnnexin-V(BOEHRINGER MANNHEIM社製)染色により検討した。

10 第一のプロトコールは、hIAP/L1210細胞 5×10^4 個に、抗体試料を終濃度 $3 \mu\text{g}/\text{ml}$ で添加し、24時間培養した。抗体試料として、5. 9で得たCHO細胞由来MABL2一本鎖Fvのモノマー及びダイマー、さらに5. 12で得た大腸菌細胞由来の同モノマー及びダイマー、そしてコントロールとしてマウスIgG抗体について検討した。培養後、Annexin-V染色を行い、FACScan装置(BECTON DICKINSON社製)にて蛍光強度を測定した。

15 また、第二のプロトコールは、hIAP/L1210細胞 5×10^4 個に、抗体試料を終濃度 $3 \mu\text{g}/\text{ml}$ で添加し、2時間培養後に抗FLAG抗体(SIGMA社製)を終濃度 $15 \mu\text{g}/\text{ml}$ で添加し、更に22時間培養した。抗体試料として、5. 9で得たCHO細胞由来MABL2一本鎖Fvのモノマー及びコントロールとしてマウスIgG抗体について検討した。培養後、Annexin-V染色を行い、FACScan装置にて蛍光強度を測定した。

20 Annexin-V染色による解析の結果を図25~31にそれぞれ示した。その結果、CHO細胞及び大腸菌細胞産生のMABL-2抗体由来一本鎖Fvポリペプチドのダイマーはコントロール(図25)と比較して著しい細胞死を誘導した(図26、27)が、CHO細胞及び大腸菌細胞産生の一本鎖Fvポリペプチドのモノマーのアポトーシス誘導作用は認められなかった(図28、29)。また、抗FLAG抗体の添加により、CHO細胞産生のMABL-2抗体由来一本鎖Fvポリペプチドのモノマーはコントロール(図30)と比較して著しい細胞死を誘導した(図31)。

5. 14 scFv/CHOポリペプチドのモノマー及びダイマーのヒト骨髓腫マウスモデルに対する抗腫瘍効果

(1) マウス血清ヒトIgG定量法

マウス血清中における、ヒト骨髓腫細胞が產生するヒトIgG (Mタンパク質) の定量は、以下のELISAで行った。0.1%重炭酸緩衝液 (pH 9.6) で $1\text{ }\mu\text{l}/\text{ml}$ に希釈したヤギ抗ヒトIgG抗体 (BIOSOURCE 社製、Lot # 7902) $100\text{ }\mu\text{l}$ を96ウェルプレート (Nunc 社製) に加え、 4°C で一晩インキュベーションし、抗体を固相化した。ブロッキングの後、段階希釈したマウス血清あるいは標品としてヒトIgG (Cappel 社製、Lot # 00915) $100\text{ }\mu\text{l}$ を添加し、室温にて2時間インキュベーションした。洗浄後、5000倍希釈したアルカリリフォスファターゼ標識抗ヒトIgG抗体 (BIOSOURCE 社製、Lot # 6202) $100\text{ }\mu\text{l}$ を加え、室温にて1時間インキュベーションした。洗浄後、基質溶液を加え、インキュベーションの後、MICROPLATE READER Model 3550 (BioRad 社製) を用いて 405 nm の吸光度を測定し、標品のヒトIgGの吸光度より得られた検量線から、マウス血清中のヒトIgG (Mタンパク質) 濃度を算出した。

(2) 投与抗体の調製

scFv/CHOポリペプチドのモノマー及びダイマーは、投与当日、濾過滅菌したPBS (-) を用いて、それぞれ $0.4\text{ mg}/\text{ml}$ 、 $0.25\text{ mg}/\text{ml}$ になるように調製し、投与試料とした。

(3) ヒト骨髓腫マウスモデルの作製

ヒト骨髓腫マウスモデルは以下のように作製した。SCIDマウス (日本クレア) を用いて *in vivo* 繼代したKPMM2細胞 (特開平7-236475号公報) を 10% ウシ胎児血清 (GIBCO BRL 社製) を含むRPMI 1640培地 (GIBCO BRL 社製) で 3×10^7 個/ ml になるように調製した。あらかじめ前日抗アシアロGM1抗体 (和光純薬社製、1バイアルを 5 ml で溶解) $100\text{ }\mu\text{l}$ を皮下投与したSCIDマウス (オス、6週齢) (日本クレア) に上記KPMM2細胞懸濁液 $200\text{ }\mu\text{l}$ (6×10^6 個/マウス) を尾静脈より注入した。

(4) 抗体投与

(3) で作製したヒト骨髓腫マウスモデルに対し、KPM2細胞移植後3日目より、1日2回、3日間、上記(2)で調製した投与試料、モノマーは250μl、ダイマーは400μlを、尾静脈より投与した。対照として、濾過滅菌したPBS(-)を同様に1日2回、3日間、200μl、尾静脈より投与した。両群とも、1群7匹で行った。

(5) scFv/CHOポリペプチドのモノマー及びダイマーのヒト骨髓腫移植マウスモデルに対する抗腫瘍効果の評価

scFv/CHOポリペプチドのモノマー及びダイマーのヒト骨髓腫マウスモデルの抗腫瘍効果については、当該骨髓腫細胞が産生するヒトIgG(Mタンパク質)のマウス血清中の量の変化、及び生存期間で評価した。マウス血清中のヒトIgG量の変化については、KPM2細胞移植後24日目に血清を採取し、上記(1)で述べたELISAを用いてヒトIgG量を測定した。その結果、PBS(-)投与群では、血清ヒトIgG(Mタンパク質)量が約8500μg/mlまで上昇しているのに対し、scFv/CHOダイマー投与群では対照群の1/10以下と顕著に低値であり、scFv/CHOダイマーがKPM2細胞の増殖を非常に強く抑制していることが示された(図32)。一方、生存期間についても図33に示すとおり、scFv/CHOダイマー投与群ではPBS(-)投与群と比較して顕著な生存期間の延長が認められた。

以上より、scFv/CHOダイマーがヒト骨髓腫マウスモデルに対して、抗腫瘍効果を有することが示された。本発明の再構成ポリペプチドであるscFv/CHOダイマーの抗腫瘍効果は、当該再構成ポリペプチドが有するアポトーシス誘起作用に基づくと考えられる。

5. 15 赤血球凝集試験

赤血球凝集試験及び赤血球凝集の判定法は、続生化学実験講座の免疫生化学研究法(日本生化学会編、東京化学同人)に準じて実施した。

健常人の血液をヘパリン処理した注射筒により採血し、PBS(-)により3回洗浄した後、PBS(-)にて最終濃度が2%の赤血球浮遊液を作製した。検

検査サンプルは、対照としてマウス IgG (Zymed 社製) を用い、MABL-2 抗体、CHO 細胞産生の一本鎖 Fv ポリペプチドモノマー、ダイマー、大腸菌産生の一本鎖 Fv ポリペプチドのモノマーとダイマーを使用した。赤血球の凝集作用を検討するために、ファルコン社製の U 底の 96 ウェルプレートを使用し、上記の抗体サンプルを $50 \mu\text{l}$ / ウェル添加した中に、2% 赤血球浮遊液をさらに $50 \mu\text{l}$ 添加、混和し、 37°C で 2 時間インキュベーション後、 4°C で一昼夜保存し、凝集を判定した。また、対照として、PBS (-) を $50 \mu\text{l}$ / ウェル添加し、抗体サンプルと同様にして凝集試験を行った。抗体の最終濃度は、マウス IgG、MABL-2 抗体は、0.01、0.1、1、10、 $100 \mu\text{g}/\text{mL}$ 、一本鎖 Fv は、0.004、0.04、0.4、4、 40 、 $80 \mu\text{g}/\text{mL}$ で大腸菌産生の一本鎖 Fv ポリペプチドのダイマーのみさらに $160 \mu\text{g}/\text{mL}$ の用量を設定した。その結果は、下記の表 2 に示す通り、MABL-2 抗体では、 $0.1 \mu\text{g}/\text{mL}$ 以上で赤血球凝集が見られたのに対し、一本鎖 Fv ポリペプチドではモノマー、ダイマー共に赤血球凝集は認められなかった。

15

表 2
赤血球凝集試験

	対照	0.01	0.1	1	10	100	($\mu\text{g}/\text{mL}$)
mIgG	-	-	-	-	-	-	-
MABL-2(intact)	-	-	+	+++	+++	++	
	対照	0.004	0.04	0.4	4	40	($\mu\text{g}/\text{mL}$)
scFv/CHO モノマー	-	-	-	-	-	-	-
scFv/CHO ダイマー	-	-	-	-	-	-	-
	対照	0.004	0.04	0.4	4	40	($\mu\text{g}/\text{mL}$)
scFv/E. coli モノマー	-	-	-	-	-	-	-
scFv/E. coli ダイマー	-	-	-	-	-	-	-

実施例6 2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含む再構成ポリペプチド s c (F v)₂及び種々の長さのペプチドリンカーを有するM A B L - 2抗体 s c F v

6. 1 M A B L - 2抗体 s c (F v)₂発現プラスミドの構築

M A B L - 2抗体由来の2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含む再構成
5 ポリペプチド [s c (F v)₂] を発現するプラスミドを作製するため、前述 p C H
O M 2 (M A B L - 2抗体由来の s c F v をコードするDNAを含む) を以下に
示す通り P C R法により修飾し、得られたDNA断片を p C H O M 2に導入した。

P C Rに使用するプライマーは、センスプライマーとしてE F 1 α をコードす
るDNAにハイブリダイズするE F 1 プライマー (配列番号：3 0) を使用し、
10 アンチセンスプライマーとしてL鎖V領域のC末端をコードするDNAにハイブ
リダイズし且つリンカー領域をコードするDNA配列 (配列番号：1 9) 及びS
a l I 制限酵素認識部位を有するV L L A S プライマー (配列番号：3 1) を使
用した。

P C R溶液1 0 0 μ lは、1 0 μ lの1 0 \times P C R Buffer # 1、1 mM M
15 g C l₂、0. 2 mM d N T P s (d A T P、d G T P、d C T P、d T T P)、
5 ユニットのKOD DNAポリメラーゼ (以上東洋紡社製)、1 μ Mの各プライ
マーハー、及び1 0 0 n g の鑄型DNA (p C H O M 2) を含有する。P C R溶液を
9 4 °Cにて3 0 秒間、5 0 °Cにて3 0 秒間及び7 4 °Cにて1 分間、この順序で加
熱した。この温度サイクルを3 0 回反復した。

20 P C R生成物を QIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN 社製) を用いて精製
し、S a l I で消化し、得られたDNA断片を p B l u e s c r i p t K S⁺ベ
クター (東洋紡社製) にクローニングした。DNA配列決定の後、正しいDNA
配列を有するDNA断片を含むプラスミドをS a l I で消化し、得られたDNA
25 断片をS a l I で消化したp C H O M 2に Rapid DNA Ligation Kit (BOEHRINGER
MANNHEIM 社製) を用いて連結した。DNA配列決定の後、正しいDNA配列を有
するDNA断片を含むプラスミドを p C H O M 2 (F v)₂と命名した (図3 4を参
照)。本プラスミド p C H O M 2 (F v)₂に含まれるM A B L - 2抗体 s c (F v)₂領域の塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：3 2に示す。

6. 2 種々の長さのペプチドリンカーを有するMAB L-2抗体scFv発現プラスミドの作製

種々の長さのペプチドリンカーを有し、そして[H鎖] - [L鎖] (以下HL)、
[L鎖] - [H鎖] (以下LH)となるようにV領域を連結したscFvを、MA
5 BL-2由来のH鎖及びL鎖cDNAを鋳型として以下の通りに作製した。

HLタイプのscFvを作製するために、まずpCHOM2(Fv)₂を鋳型としてCFHL-F1 (配列番号: 33) 及びCFHL-R2 (配列番号: 34) プライマー、CFHL-F2 (配列番号: 35) 及びCFHL-R1プライマー (配列番号: 036) によりKODポリメラーゼにて94°C 30秒、60°C 30秒、72°C 1分間の反応を30回繰り返すPCR反応を行い、5'側にリーダー配列を含むH鎖、及び3'側にFLAG配列を含むL鎖のcDNA遺伝子を作製した。得られたH鎖及びL鎖cDNAを鋳型として混合し、KODポリメラーゼにて94°C 30秒、60°C 30秒、72°C 1分間の反応を5回繰り返すPCR反応を行い、CFHL-F1及びCFHL-R1プライマーを加えてさらに30サイクル反応することによりリンカーを含まないHL-0タイプのcDNAを作製した。

LHタイプのscFvを作製するために、まずMABL-2のL鎖及びH鎖V領域のcDNAを含むプラスミドpGEM-M2L及びpGEM-M2H (特願平11-63557参照) を鋳型として、それぞれT7 (配列番号: 37) 及びCFLH-R2 (配列番号: 38) プライマー、CFLH-F2 (配列番号: 39) 及びCFLH-R1 (配列番号: 40) プライマーを用いてKODポリメラーゼ (東洋紡) にて94°C 30秒、60°C 30秒、72°C 1分間の反応を30回繰り返すPCR反応を行い、5'側にリーダー配列を含むL鎖、及び3'側にFLAG配列を含むH鎖のcDNA遺伝子を作製した。得られたL鎖及びH鎖cDNAを鋳型として混合し、KODポリメラーゼにて94°C 30秒、60°C 30秒、72°C 1分間の反応を5回繰り返すPCR反応を行い、T7及びCFLH-R1プライマーを加えてさらに30サイクル反応した。この反応産物を鋳型とし、CFLH-F4 (配列番号: 41) 及びCFLH-R1プライマーを用いて94°C 30秒、60°C 30秒、72°C 1分間の反応を30回繰り返すPCR反応を行う

ことによりリンカーを含まないLH-0タイプのcDNAを作製した。

こうして作製したLH-0、HL-0タイプのcDNAを制限酵素EcoRI、

BamHI（宝酒造）処理し、XhoI制限酵素切断部位を含まない哺乳動物発現プラスミドINPEP4にLigation High（東洋紡）を用いて導入し、

5 Competent E. coli JM109（ニッポンジーン）を形質転換した。形質転換した大腸菌よりQIAGEN Plasmid Maxi Kit（QIAGEN）にてプラスミドを精製した。

こうしてプラスミドpCF2LH-0及びpCF2HL-0を作製した。

次に、リンカーサイズの異なる発現プラスミドを作製するためにHLタイプではpCF2HL-0を鋳型としてCFHL-X3（配列番号：42）、CFHL-

10 X4（配列番号：43）、CFHL-X5（配列番号：44）、CFHL-X6（配列番号：45）、又はCFHL-X7（配列番号：46）のセンスプライマー

及びアンチセンスプライマーとしてベクター配列に相補的なBGH-1（配列番号：47）プライマーを用いてKODポリメラーゼにて94°C30秒、60°C3

0秒、72°C1分間の反応を30回繰り返すPCR反応を行い、得られた反応産

15 物を制限酵素XhoI、BamHI（宝酒造）にて処理した。得られた断片をp

CF2HL-0のXhoI、BamHIサイトにLigation High（東洋紡）を用

いて導入し、Competent E. coli JM109を形質転換した。形質転換した大腸

菌よりQIAGEN Plasmid Maxi Kitにてプラスミドを精製した。こうして、発現

プラスミドpCF2HL-3、pCF2HL-4、pCF2HL-5、pCF2H

20 L-6及びpCF2HL-7を作製した。更にCOS7細胞での一過的発現に用

いる発現プラスミドを作製するために、pCF2HL-0、pCF2HL-3、

pCF2HL-4、pCF2HL-5、pCF2HL-6及びpCF2HL-7

を制限酵素EcoRI及びBamHI（宝酒造）にて処理し、約800bpの断

片をアガロースゲル電気泳動によるゲルからの回収により精製した。得られた断

片を哺乳動物細胞発現プラスミドpCOS1のEcoRI及びBamHIサイト

25 にLigation Highを用いて導入し、Competent E. coli DH5 α （東洋紡）を形

質転換した。形質転換した大腸菌よりQIAGEN Plasmid Maxi Kitにてプラスミド

を精製した。こうして、発現プラスミドCF2HL-0/pCOS1、CF2H

L-3/pCOS1、CF2HL-4/pCOS1、CF2HL-5/pCOS1、CF2HL-6/pCOS1及びCF2HL-7/pCOS1を作製した。代表的な例として、プラスミドCF2HL-0/pCOS1の構造を図35に示し、これに含まれるMABL2-scfv<HL-0>の塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：48に示す。また各プラスミドのリンカー部分の塩基配列及びアミノ酸配列を図36に示す。

また、リンカーサイズの異なるLHタイプの発現プラスミドを作製するため、pCF2LH-0を鋳型としてCFLH-X3（配列番号：49）、CFLH-X4（配列番号：50）、CFLH-X5（配列番号：51）、CFLH-X6（配列番号：52）又はCFLH-X7（配列番号：53）のセンスプライマー及びアンチセンスプライマーとしてベクター配列に相補的なBGH-1プライマーを用いてKODポリメラーゼにて94°C30秒、60°C30秒、72°C1分間の反応を30回繰り返すPCR反応を行い、得られた反応産物を制限酵素XbaI、BamHIにて処理した。得られた断片をpCF2LH-0のXbaI、BamHIサイトにLigation Highを用いて導入し、Competent E. coli DH5 α （東洋紡）を形質転換した。形質転換した大腸菌よりQIAGEN Plasmid Maxi Kitにてプラスミドを精製した。こうして、発現プラスミドpCF2LH-3、pCF2LH-4、pCF2LH-5、pCF2LH-6及びpCF2LH-7を作製した。更にCOS7細胞での一過的発現に用いる発現プラスミドを作製するために、pCF2LH-0、pCF2LH-3、pCF2LH-4、pCF2LH-5、pCF2LH-6及びpCF2LH-7を制限酵素EcoRI及びBamHI（宝酒造）にて処理し、約800bpの断片をアガロースゲル電気泳動によるゲルからの回収により精製した。得られた断片を哺乳動物細胞発現プラスミドpCOS1のEcoRI及びBamHIサイトにLigation Highを用いて導入し、Competent E. coli DH5 α （東洋紡）を形質転換した。形質転換した大腸菌よりQIAGEN Plasmid Maxi Kitにてプラスミドを精製した。こうして、発現プラスミドCF2LH-0/pCOS1、CF2LH-3/pCOS1、CF2LH-4/pCOS1、CF2LH-5/pCOS1、CF2LH-6/pCOS1及

びCF2LH-7/pCOS1を作製した。代表的な例として、プラスミドCF2LH-0/pCOS1の構造を図37に示し、これに含まれるMABL2-scFv<LH-0>の塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：54に示す。また各プラスミドのリンカー部分の塩基配列及びアミノ酸配列を図38に示す。

5 6.3 COS7細胞におけるscFv及びsc(Fv)₂の発現

(1) 有血清培地での培養上清の調製

HLタイプ、LHタイプscFv及びsc(Fv)₂の発現のために、COS7細胞（JCRB9127、ヒューマンサイエンス振興財団）の一過的発現を行った。COS7細胞は10%牛胎児血清(Hyclone)を含むDMEM培地(GIBCO BRL社製)にて、37°Cの炭酸ガス恒温槽中で経代培養した。

6.2で構築したCF2HL-0, 3~7/pCOS1、もしくはCF2LH-0, 3~7/pCOS1又はpCHOM2(Fv)₂ベクターを、Gene Pulser装置(BioRad社製)を用いてエレクトロポレーションによりCOS7細胞にトランスフェクションした。

15 DNA(10 μg)とDMEM(10%FBS, 5mM BES(SIGMA社))培地中 2×10^7 細胞/mLの0.25mLをキュベットに加え、10分間静置の後に0.17kV、950μFの容量にてパルスを与えた。10分間静置の後、エレクトロポレーションされた細胞をDMEM(10%FBS)培地に混合し、75cm²フラスコに加えた。72時間培養後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去し、更に0.22μmボトルトップフィルター(FALCON)にて濾過し、これを培養上清(CM)とした。

(2) 無血清培地での培養上清の調製

上記(1)と同様の方法でトランスフェクションした細胞をDMEM(10%FBS)培地に加え75cm³フラスコにて一夜培養した後、培養上清を捨て、PBSにて洗浄後、CHO-S-SFM II培地(GIBCO BRL社製)を添加した。72時間培養後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去し、更に0.22μmボトルトップフィルターにて濾過し、CMを得た。

6.4 COS7 CM中のscFv及びsc(Fv)₂の検出

前記6. 3 (2) で調製したCOS 7のCM中における種々のMABL 2-s c Fv及びsc(Fv)₂のポリペプチドを下記の通りにウェスタンブロッティング法により検出した。

各COS 7 CMについてについてSDS-PAGEを行い、REINFORCED NC膜 (Schleicher & Schuell 社製) に転写した。5%スキムミルク (森永乳業社製) にてブロッキングを行い、TBSにて洗浄後、抗FLAG抗体 (SIGMA 社製) を加えた。室温にてインキュベーション及び洗浄の後、ペルオキシダーゼ標識抗マウスIgG抗体 (Jackson Immuno Research 社製) を加え、室温にてインキュベーション及び洗浄後、基質溶液を添加し、発色させた (図39)。

6. 5 フローサイトメトリー

MABL 2-s c Fv及びsc(Fv)₂のヒト Integrin Assosiated Protein (IAP) 抗原への結合を測定するため、前記6. 3 (1) にて調製したCOS 7細胞培養上清を用いてフローサイトメトリーを行った。ヒトIAPを発現するマウス白血病細胞株L1210細胞 2×10^5 個に、実施例6. 3 (1) で得られた培養上清あるいは対照としてCOS 7細胞の培養上清を加え、氷上にてインキュベーション及び洗浄の後、 $10 \mu\text{g}/\text{mL}$ のマウス抗FLAG抗体 (SIGMA 社製) を加えた。インキュベーション及び洗浄の後、FITC標識抗マウスIgG抗体 (BECTON DICKINSON 社製) を加えた。再度インキュベーション及び洗浄の後、FACScan装置 (BECTON DICKINSON 社製) にて蛍光強度を測定した。その結果、各COS 7培養上清中の種々の長さのペプチドリンクーを有するMABL 2-s c Fv及びsc(Fv)₂は、ヒトIAPに対して高い親和性を有することが示された (図40a及びb)。

6. 6 *in vitro*でのアポトーシス誘起効果

前記1. 3 (1) にて調製したCOS 7細胞培養上清について、ヒトIAPを遺伝子導入したL1210細胞 (hIAP/L1210) に対するアポトーシス誘導作用をAnnexin-V (BOEHRINGER MANNHEIM 社製) 染色により検討した。

hIAP/L1210細胞 5×10^4 個に、各ベクターを形質転換したCOS 7

細胞培養上清あるいはコントロールとしてCOS7細胞培養上清を終濃度10%で添加し、24時間培養した。その後、Annexin-V/PI染色を行い、FACScan装置(BECTON DICKINSON社製)にて蛍光強度を測定した。その結果、COS7 CM中のscFv<HL3, 4, 6, 7、LH3, 4, 6, 7>及びsc(Fv)₂はhIAP/L1210細胞に対して顕著な細胞死を誘導した。
5 得られた結果を図41にそれぞれ示す。

6. 7 MABL2-scFv及びsc(Fv)₂のCHO細胞用発現ベクターの構築

前記MABL2-scFv及びsc(Fv)₂を培養上清から精製することを目的として、これらをCHO細胞にて発現させるための発現ベクターを以下のように構築した。

前記1. 2にて調製したpCF2HL-0, 3~7及びpCF2LH-0, 3~7のEcoRI-BamHI断片を、CHO細胞用発現ベクターpCHO1のEcoRI及びBamHI部位に Ligation High を用いて導入し、Competent E. coli DH5 α を形質転換した。形質転換した大腸菌より QIAGEN Plasmid Midi Kit (QIAGEN) にてプラスミドを精製した。このようにして発現プラスミドpCHOM2HL-0, 3~7及びpCHOM2LH-0, 3~7を作製した。

6. 8 MABL2-scFv<HL-0, 3~7>, MABL2-scFv<LH-0, 3~7>及びsc(Fv)₂発現CHO細胞の作製並びにその培養上清の調製

前記1. 7にて構築した発現プラスミドpCHOM2HL-0, 3~7及びpCHOM2LH-0, 3~7並びにpCHOM2(Fv)₂ベクターを以下の通りにCHO細胞に形質転換し、各再構成ポリペプチドを恒常的に発現するCHO細胞を作製した。その代表的な例としてMABL2-scFv<HL-5>, sc(Fv)₂を恒常的に発現するCHO細胞の作製を下記に示す。

発現プラスミドpCHOM2HL-5及びpCHOM2(Fv)₂を制限酵素PvuIにて消化して直鎖状にし、これらをGene Pulser装置(BioRad社製)を用いてエレクトロポレーションによりCHO細胞にトランスフェクションした。DN

A (10 μg) と、PBS中 1×10^7 細胞/m1の0.75m1をキュベットに加え、1.5kV、25μFの容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を、10%のウシ胎児血清を含有する核酸含有α-MEM培地（GIBCO BRL 社製）に加え培養した。一夜培養後、培養上清を除去し、PBSにてリノスした後、10%のウシ胎児血清を含有する核酸不含α-MEM培地（GIBCO BRL 社製）を加え培養した。約2週間培養後、methotrexate (SIGMA 社製) を終濃度10nMで含有する培地で更に培養し、その後50nM、そして100nMと濃度を順次上げて培養を続けた。こうして得られた細胞をローラーボトル中で無血清培地CHO-S-SFM II (GIBCO BRL 社製) にて培養後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去し、更に0.20μmフィルターにて濾過し、それぞれのCMを得た。

同様にして、MABL2-scFv<HL-0, 3, 4, 6, 7>及び<LH-0, 3, 4, 5, 6, 7>を恒常的に発現するCHO細胞及びそれらのCMを得た。

15 6. 9 MABL2-scFv<HL-5>のダイマー及びsc(Fv)₂の精製

下記の2種類の精製法により前記6. 8で得られたCMからMABL2-scFv<HL-5>及びsc(Fv)₂の精製を行った。

<精製法1> HL-5及びsc(Fv)₂を、そのポリペプチドのC末端のF1a配列を利用した抗F1a_g抗体アフィニティカラムクロマトグラフィー及びゲル濾過を用いて精製した。150mM NaClを含む50mM Tris塩酸緩衝液、pH 7.5 (TBS) で平衡化した抗Flag M2 Affinity gel (SIGMA) で作成したカラム (7.9m1) に前記6. 8で得られたCM (1L) を添加し、TBSでカラムを洗浄後、0.1Mグリシン塩酸緩衝液、pH 3.5でscFvをカラムから溶出させた。得られた画分をSDS/PAGEで分析し、scFvの溶出を確認した。scFv画分を終濃度が0.01%となるようにTween 20を加え、Centricon-10 (ミリポア) で濃縮した。濃縮液を150mM NaCl及び0.01%Tween 20を含む20mM酢酸緩衝液、pH 6.0で平衡化したTSKgel G3000SWカラム (7.5×600mm) にかけた。流速0.4

m l / m i n で s c F v は 2 8 0 n m の吸収で検出した。H L - 5 は主要ピークとしてダイマーの位置に、 s c (F v) ₂ はモノマーの位置にそれぞれ溶出された。

<精製法2> H L - 5 及び s c (F v) ₂ をイオン交換クロマトグラフィー、ハイドロキシアパタイト及びゲル濾過の三工程で精製した。イオン交換クロマトグラ

5 フィーでは、 H L - 5 では Q Sepharose fast flow カラム（ファルマシア）を s c (F v) ₂ では SP-sepharose fast flow カラムを用い、第二工程以降は H L - 5 と s c (F v) ₂ で同じ条件を用いた。

(第一工程) H L - 5

H L - 5 の CM は、 0. 0 2 % Tween 2 0 を含む 2 0 mM Tris 塩酸緩衝液、 pH 9. 0 で 2 倍希釈した後に、 1 M Tris で pH を 9. 0 に調整した。この後、 0. 0 2 % Tween 2 0 を含む 2 0 mM Tris 塩酸緩衝液、 pH 8. 5 で平衡化した Q Sepharose fast flow カラムにかけ、同緩衝液中 0. 1 M から 0. 5 5 M までの NaCl の直線濃度勾配でカラムに吸着したポリペプチドを溶出した。得られた画分を SDS / PAGE で分析し、 H L - 5 を含む画分を集め、第二工程のハイドロキシアパタイトにかけた。

(第一工程) s c (F v) ₂

s c (F v) ₂ の CM は、 0. 0 2 % Tween 2 0 を含む 2 0 mM 酢酸緩衝液、 pH 5. 5 で 2 倍希釈した後に、 1 M 酢酸で pH を 5. 5 に調整した。 0. 0 2 % Tween 2 0 を含む 2 0 mM 酢酸緩衝液、 pH 5. 5 で平衡化した SP-Sepahrose 20 fast flow カラムにかけ、同緩衝液中、 NaCl 濃度を 0 から 0. 5 M まで直線的に上げ、カラムに吸着したポリペプチドを溶出した。得られた画分を SDS / PAGE で分析し、 s c (F v) ₂ を含む画分を集め、第二工程のハイドロキシアパタイトにかけた。

(第二工程) H L - 5 及び s c (F v) ₂ のハイドロキシアパタイトクロマトグラフ

25 イー

第一工程で得られた H L - 5 画分及び s c (F v) ₂ 画分をそれぞれ 0. 0 2 % Tween 2 0 を含む 1 0 mM リン酸緩衝液、 pH 7. 0 で平衡化したハイドロキシアパタイトカラム（BioRad、タイプ I ）に添加し、同緩衝液でカラムを洗浄

後、リン酸緩衝液濃度を0.5Mまで直線的に上げ、カラムに吸着したポリペプチドを溶出した。各画分をSDS/PAGEで分析し、所望のポリペプチドが含まれる画分を集めた。

(第三工程) HL-5及びsc(Fv)₂のゲル濾過

5 第二工程で得られた各画分をそれぞれ Centriprep-10 (ミリポア) で濃縮し、0.02%Tween 20及び0.15M NaClを含む20mM酢酸緩衝液、pH 6.0で平衡化したSuperdex 200カラム (2.6×60cm、ファルマシア) にかけた。HL-5はダイマーに位置に、sc(Fv)HL-5及びsc(Fv)₂はモノマーの位置にそれぞれ主要ピークとして溶出された。

10 いずれの精製法においても、HL-5モノマーは殆ど検出されなかったことから、一本鎖Fvのリンカーのアミノ酸残基数が5個程度であれば、効率的に一本鎖Fvのダイマーが形成できることが判明した。HL-5ダイマーおよびsc(Fv)₂はいずれも精製された後も4°Cで1ヶ月間安定的に維持された。

6. 10 精製scFv<HL-5>のダイマー及びsc(Fv)₂の抗原結合活性評価

15 精製されたMABL2-scFv<HL5>のダイマー及びsc(Fv)₂のヒトIntegrin Assosiated Protein (IAP) 抗原への結合を測定するため、フローサイトメトリーを行った。ヒトIAPを発現するマウス白血病細胞株L1210細胞 (hIAP/L1210) 又は対照としてpCOS1ベクターをトランスフェクションしたL1210細胞 (pCOS1/L1210) 2×10⁵個に、10μg/mLの精製MABL2-scFv<HL5>のダイマー、MABL2-sc(Fv)₂、陽性対照としてモノクローナル抗体MABL-2、陰性対照としてマウスIgG (Zymed社製) を加え、氷上にてインキュベーション及び洗浄の後、10μg/mLのマウス抗FLAG抗体 (SIGMA社製) を加えた。インキュベーション及び洗浄の後、FITC標識抗マウスIgG抗体 (BECTON DICKINSON社製) を加えた。再度インキュベーション及び洗浄の後、FACScan装置 (BECTON DICKINSON社製) にて蛍光強度を測定した。

その結果、精製MABL2-scFv<HL5>のダイマー及びMABL2-

s c (F v)₂はh I A P / L 1 2 1 0細胞に特異的に結合したことにより、s c F v <HL 5>のダイマー及びs c (F v)₂がヒトI A Pに対して高い親和性を有することが示された(図42)。

6. 11 精製s c F v <HL-5>のダイマー及びs c (F v)₂のin vitroアポトーシス誘起効果

精製したM A B L 2 - s c F v <HL 5>のダイマー及びs c (F v)₂について、ヒトI A Pを遺伝子導入したL 1 2 1 0細胞(h I A P / L 1 2 1 0)及びヒト白血病細胞株C C R F - C E Mに対するアポトーシス誘導作用をA n n e x i n - V (BOEHRINGER MANNHEIM社製)染色により検討した。

h I A P / L 1 2 1 0細胞 5×10^4 個あるいはC C R F - C E M細胞 1×10^5 個に、精製M A B L 2 - s c F v <HL 5>のダイマー、M A B L 2 - s c (F v)₂、陽性対照としてモノクローナル抗体M A B L - 2、陰性対照としてマウスI g Gを様々な濃度で添加し、24時間培養した。その後、A n n e x i n - V 染色を行い、F A C S c a n装置(BECTON DICKINSON社製)にて蛍光強度を測定した。その結果、M A B L 2 - s c F v <HL 5>のダイマー及びM A B L 2 - s c (F v)₂はh I A P / L 1 2 1 0、C C R F - C E Mの両細胞に対して濃度依存的に細胞死を誘導した(図43)。

6. 12 精製s c F v <HL-5>のダイマー及びs c (F v)₂の赤血球凝集試験

実施例5. 15に従って、種々の濃度の精製したs c F v <HL-5>のダイマー及びs c (F v)₂の血液凝集試験を実施した。

モノクローナル抗体M A B L - 2(陽性対照)では血液凝集が起こるのに対して、一本鎖抗体のM A B L 2 - s c (F v)₂及びM A B L 2 - s c (F v) <HL 5>は凝集しなかった。また、M A B L - 2抗体を用いた緩衝液の差もほとんどみられなかった。その結果を下記の表3に示す。

ヒト赤血球凝集試験

表 3

		希釈液: PBS										(μg/ml)				
MAB2-sc(Fv)2	-	-	28.9	14.45	7.225	3.6125	1.8033	0.9031	0.4516	0.2258	0.1129	0.0564	0.0282	0.0141	0.0071	0.0035 0.0018
MAB2-sc(Fv)<IL5>	-	-	28.0	14.0	7.0	3.5	1.75	0.875	0.4375	0.2188	0.1094	0.0547	0.0273	0.0137	0.0068	0.0034 0.0017
MAB2 (intact)	-	-	80	40	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	0.1563	0.0781	0.0391	0.0195	0.0098 0.0049
mIgG	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	±	-	-	-	-	-
		希釈液: Acetate Buffer										(μg/ml)				
MAB2 (intact)	-	-	80	40	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	0.1563	0.0781	0.0391	0.0195	0.0098 0.0049

6. 13 精製 s c F v <HL-5>のダイマー及び s c (F v)₂のヒト骨髓腫マウスモデルに対する抗腫瘍効果

実施例 6. 8 及び 6. 9 にて作製、精製した s c F v <HL-5>のダイマー及び s c (F v)₂について、その抗腫瘍効果を試験した。具体的には実施例 5. 1
5 4 (3) で作製したヒト骨髓腫マウスモデルを用いて、マウス血清中における、ヒト骨髓腫細胞が産生するMタンパク質をELISAにより定量し、併せてマウスの生存日数を記録した。そして、血清中のMタンパク質量の変化および生存日数により、 s c F v <HL-5>のダイマー及び s c (F v)₂の抗腫瘍効果を評価した。

10 なお、本試験において HL-5 及び s c (F v)₂は、 vehicle (150 mM NaCl, 0.02% Tween 及び 20 mM 酢酸緩衝液, pH 6.0) 中の 0.01、0.1 又は 1 mg/mL の溶液として、投与量が 0.1、1 または 10 mg/kg になるようにマウスに投与した。また、対照は vehicleのみを投与した。

15 ヒト骨髓腫細胞移植後 26 日目に血清を採取し、血清中のMタンパク質量を ELISAにより実施例 5. 14 に従って測定した。その結果、HL-5 投与群及びダイマー及び s c (F v)₂投与群共に、血清中のMタンパク質量が投与量依存的に減少していた(図 4 4 を参照)。また、その生存期間については、HL-5 投与群(図 4 5) 及び s c (F v)₂投与群(図 4 6) 共に対照(vehicle投与群)と比較して有意な生存期間の延長が観察された。これらの結果は、本発明の HL-5 及び s c (F v)₂がインビボにおいても優れた抗腫瘍作用を有することを示している。

図面の簡単な説明

25 図 1. ヒト IgG1 抗体が、ヒト IAP を発現する L1210 細胞(hIAP/L1210)に結合しないことを示すフローサイトメトリーの結果を示す図である。

図 2. キメラ MABL-1 抗体が、ヒト IAP を発現する L1210 細胞(h

IAP/L1210)に特異的に結合することを示すフローサイトメトリーの結果を示す図である。

図3. キメラMABL-2抗体が、ヒトIAPを発現するL1210細胞(h IAP/L1210)に特異的に結合することを示すフローサイトメトリーの結果を示す図である。
5

図4. 本発明にかかる一本鎖Fvの作成方法を模式的に示す図である。

図5. 本発明の一本鎖FvをコードするDNAを、大腸菌にて発現させるために使用可能な発現プラスミドの一例の構造を示す。

図6. 本発明の一本鎖FvをコードするDNAを、哺乳動物細胞にて発現させるために使用する発現プラスミドの一例の構造を示す。
10

図7. 実施例5. 4で得られたウエスタンプロットの結果を示す写真である。

左側より、分子量マーカー(上から97.4、66、45、31、21.5、14.5 kDaを示す)、pCHO1導入COS7細胞培養上清、pCHOM2導入細胞培養上清。pCHOM2導入細胞培養上清に再構成MABL-2抗体一本鎖Fv
15 (矢印)が明らかに含まれていることを示す。

図8. コントロールとしてのpCHO1/COS7細胞培養上清の抗体は、コントロールとしてのpCOS1/L1210細胞には結合しないことを示すフローサイトメトリーの結果を示す図である。

図9. MABL2-scFv/COS7細胞培養上清の抗体は、コントロールとしてのpCOS1/L1210細胞には結合しないことを示すフローサイトメトリーの結果を示す図である。
20

図10. コントロールとしてのpCOS1/COS7細胞培養上清の抗体は、h IAP/L1210細胞に結合しないことを示すフローサイトメトリーの結果を示す図である。

図11. MABL2-scFv/COS7細胞培養上清の抗体は、h IAP/L1210細胞に特異的に結合することを示すフローサイトメトリーの結果を示す図である。
25

図12. 実施例5. 6で示すCompetitive ELISAの結果を示す

図であり、本発明の一本鎖Fv (MABL2-scFv) の抗原結合活性を、コントロールとしてのpCHO1/COS7細胞培養上清と比較して、マウスモノクローナル抗体MABL-2の抗原結合に対する阻害を指標として示す図である。

図13. 実施例5. 7のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、コントロールとしてのpCOS1/L1210細胞には、コントロールとしてのpCHO1/COS7細胞培養上清抗体はアポトーシスを誘起しないことを示す。

図14. 実施例5. 7のアポトーシス誘導効果の結果を示す図であり、コントロールとしてのpCOS1/L1210細胞には、MABL2-scFv/COS7細胞培養上清抗体はアポトーシスを誘起しないことを示す。

図15. 実施例5. 7のアポトーシス誘導効果の結果を示す図であり、hIAP/L1210細胞には、コントロールとしてのpCHO1/COS7細胞培養上清抗体はアポトーシスを誘起しないことを示す。

図16. 実施例5. 7のアポトーシス誘導効果の結果を示す図であり、hIAP/L1210細胞に対し、MABL2-scFv/COS7細胞培養上清抗体が特異的にアポトーシスを誘起することを示す。

図17. 実施例5. 7のアポトーシス誘導効果の結果を示す図であり、CCRFC-CEM細胞には、コントロールとしてのpCHO1/COS7細胞培養上清抗体はアポトーシスを誘起しないことを示す(最終濃度50%)。

図18. 実施例5. 7のアポトーシス誘導効果の結果を示す図であり、CCRFC-CEM細胞に対し、MABL2-scFv/COS7細胞培養上清抗体が特異的にアポトーシスを誘起することを示す(最終濃度50%)。

図19. 実施例5. 9のCHO細胞産生のMABL-2抗体由来の一本鎖Fvの精製過程において、Blue-sepharoseカラムで得られた画分をハイドロキシアパタイトカラムを用いて精製した際のクロマトグラムを示す図であり、主要なピークとして画分A、画分Bが得られたことを示す。

図20. 実施例5. 9の(2)で得られた画分A、画分Bについてゲルfiltrationにより精製した結果を示す図であり、画分Aでは見かけ上の分子量約36kD、画分Bでは同76kDの位置に主要ピークが(それぞれAI及びBI)が溶出したこ

とを示す。

図21. 実施例5. 9のCHO細胞産生のMABL-2抗体由来の一本鎖Fvの精製過程において得られた画分をSDS-PAGEで分析した図であり、何れも分子量約35kDに単一のバンドのみであることを示す。

5 図22. CHO細胞産生のMABL-2抗体由来の一本鎖Fvの精製において得られた画分AI及びBIをゲル濾過により分析した結果を示す図であり、画分AIはモノマーからなり、画分BIはダイマーからなることを示す。

図23. 本発明の一本鎖FvをコードするDNAを、大腸菌の菌体内にて発現させるために使用可能な発現プラスミドの一例の構造を示す。

10 図24. 実施例5. 12の大腸菌細胞産生のMABL-2抗体由来の一本鎖Fvポリペプチドの精製において、得られた粗製物をゲル濾過カラムを用いて精製した結果を示す図であり、各ピークはそれぞれ大腸菌細胞産生の一本鎖Fvのモノマー、ダイマーを示す。

15 図25. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA P/L1210細胞には、コントロールとしてのマウスIgG抗体はアポトーシスを誘起しないことを示す(最終濃度3μg/ml)。

図26. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA P/L1210細胞に対し、CHO細胞産生のMABL2-scFvダイマーが顕著にアポトーシスを誘起することを示す(最終濃度3μg/ml)。

20 図27. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA P/L1210細胞に対し、大腸菌細胞産生のMABL2-scFvダイマーが顕著にアポトーシスを誘起することを示す(最終濃度3μg/ml)。

25 図28. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA P/L1210細胞には、CHO細胞産生のMABL2-scFvモノマーのアポトーシス誘起作用がコントロールと同程度であることを示す(最終濃度3μg/ml)。

図29. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA P/L1210細胞には、大腸菌細胞産生のMABL2-scFvモノマーのア

ポトーシス誘起作用がコントロールと同程度であることを示す（最終濃度 $3 \mu\text{g}/\text{mL}$ ）。

図30. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA
P/L1210細胞には、コントロールとしてのマウスIgG抗体は抗FLAG
5 抗体の添加によってもアポトーシスを誘起しないことを示す（最終濃度 $3 \mu\text{g}/\text{mL}$ ）。

図31. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA
P/L1210細胞に対し、CHO細胞産生のMABL2-scFvモノマーが
抗FLAG抗体の添加によって顕著にアポトーシスを誘起することを示す（最終
10 濃度 $3 \mu\text{g}/\text{mL}$ ）。

図32. ヒト骨髄腫細胞株KPMM2を移植したマウスの血清中のヒトIgG量
を定量したものであり、マウスにおけるヒト骨髄腫により產生されるヒトIgG
の量を測定した結果を示す図であり、scFv/CHOダイマーがKPMM2細
胞の増殖を非常に強く抑制していることを示す。

図33. 腫瘍移植後のマウスの生存日数を表しており、scFv/CHOダイマー
投与群において生存期間が顕著に延長されていることを示している。

図34. MABL-2抗体由来の2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含む
再構成ポリペプチド [sc(Fv)₂] を発現するプラスミドの一例の構造を示す。

図35. [H鎖] - [L鎖] となるようにV領域を連結し、且つペプチドリンカー
20 を含まないscFv (HLタイプ) を発現するプラスミドの一例の構造を示す。

図36. HLタイプのポリペプチドの構造およびペプチドリンカーのアミノ酸配
列を示す。

図37. [L鎖] - [H鎖] となるようにV領域を連結し、且つペプチドリンカー
を含まないscFv (LHタイプ) を発現するプラスミドの一例の構造を示す。

図38. LHタイプのポリペプチドの構造およびペプチドリンカーのアミノ酸配
列を示す。

図39. 実施例6. 4におけるウェスタンプロッティングの結果を示す図であり、
2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含む再構成ポリペプチド sc(Fv)₂ 及

び種々の長さのペプチドリンカーを有するMABL-2抗体scFvが発現していることを示す。

図40a及びb. 実施例6.3(1)にて調製したCOS7細胞培養上清を用いたフローサイトメトリーの結果を示す図であり、種々の長さのペプチドリンカーを有するMABL2-scFv及びsc(Fv)₂は、ヒトIAPに対して高い親和性を有することを示す。

図41. 実施例6.6のアポトーシス誘導効果の結果を示す図であり、scFv<HL3, 4, 6, 7, LH3, 4, 6, 7>及びsc(Fv)₂はhIAP/L1210細胞に対して顕著な細胞死を誘導することを示す。

図42. 実施例6.10の抗原結合評価の結果を示す図であり、scFv<HL5>のダイマー及びsc(Fv)₂がヒトIAPに対して高い親和性を有することを示す。

図43. 実施例6.11のin vitroアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、MABL2-scFv<HL5>のダイマー及びMABL2-sc(Fv)₂はhIAP/L1210、CCRF-CEMの両細胞に対して濃度依存的に細胞死を誘導することを示す。

図44. ヒト骨髄腫細胞株KPMMM2を移植したマウスにおけるヒト骨髄腫により產生される血清中のMタンパク質の量を測定した結果を示す図であり、scFv<HL-5>及びsc(Fv)₂がKPMMM2細胞の増殖を非常に強く抑制していることを示す。

図45. 腫瘍移植後のマウスの生存日数を表しており、scFv<HL-5>投与群において生存期間が顕著に延長されていることを示している。

図46. 腫瘍移植後のマウスの生存日数を表しており、sc(Fv)₂投与群において生存期間が顕著に延長されていることを示している。

産業上の利用可能性

本発明の再構成ポリペプチドは、ヒトIAPを有する有核血液細胞にアポトーシスを誘起し、且つ赤血球凝集を起こさないという特性を有していることから、

急性骨髓性白血病、慢性骨髓性白血病、急性リンパ性白血病、慢性リンパ性白血病、成人T細胞白血病、多発性骨髓腫、Mixed Leukemia、Hairy cell Leukemia等の白血病、悪性リンパ腫(Hodgkin病、非Hodgkinリンパ腫)、再生不良性貧血、骨髓異形成症候群、真性多血症などの血液疾患の治療薬として有用である。

請求の範囲

1. Integrin Associated Protein (IAP) に結合し、IAPを有する有核血
液細胞にアポトーシスを誘起し、且つ赤血球凝集を起こさない再構成ポリペプチ
ド。
- 5 2. 再構成ポリペプチドが改変抗体である請求項 1 に記載の再構成ポリペプチ
ド。
3. 改変抗体が、モノクローナル抗体のH鎖V領域を 2つ以上及びL鎖V領域
を 2つ以上含む請求項 2 に記載の再構成ポリペプチド。
4. 再構成ポリペプチドが、1つのH鎖V領域及び1つのL鎖V領域を含む一
10 本鎖Fv のダイマーである請求項 3 記載の再構成ポリペプチド。
5. 再構成ポリペプチドが、精製された一本鎖Fv のダイマーである請求項 1
～4 のいずれか 1 項に記載の再構成ポリペプチド。
6. 再構成ポリペプチドが、2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含む一
本鎖ポリペプチドである請求項 3 記載の再構成ポリペプチド。
- 15 7. H鎖V領域及びL鎖V領域が、少なくとも 1 個以上のアミノ酸からなるペ
プチドリンカーを介して連結されている、請求項 5 又は 6 記載の再構成ポリペプ
チド。
8. 請求項 4、5 又は 7 に記載の一本鎖Fv をコードするDNA。
9. 請求項 6 又は 7 に記載のポリペプチドをコードするDNA。
- 20 10. H鎖V領域及び／又はL鎖V領域がヒト型化H鎖V領域及び／又はL鎖V
領域である請求項 1 ～ 3 のいずれか 1 項に記載の再構成ポリペプチド。
11. 請求項 10 に記載のポリペプチドをコードするDNA。
12. 請求項 1、2、3、4、5、6、7 又は 10 に記載の再構成ポリペプチド
を產生する動物細胞。
- 25 13. 請求項 1、2、3、4、5、6、7 又は 10 に記載の再構成ポリペプチド
を產生する微生物。
14. 請求項 1、2、3、4、5、6、7 又は 10 に記載の再構成ポリペプチド

を有効成分として含有する血液疾患治療薬。

15. 前記血液疾患が、白血病であることを特徴とする請求項14記載の血液疾患治療薬。

16. 有効成分が、請求項4、5又は7に記載の一本鎖Fvであることを特徴とする請求項14に記載の血液疾患治療薬。
5

1/38

図 1

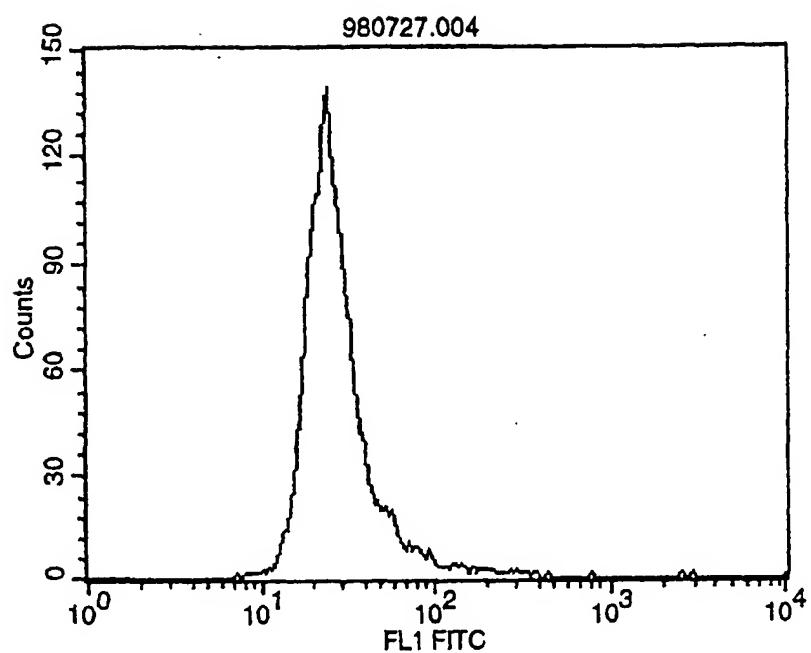
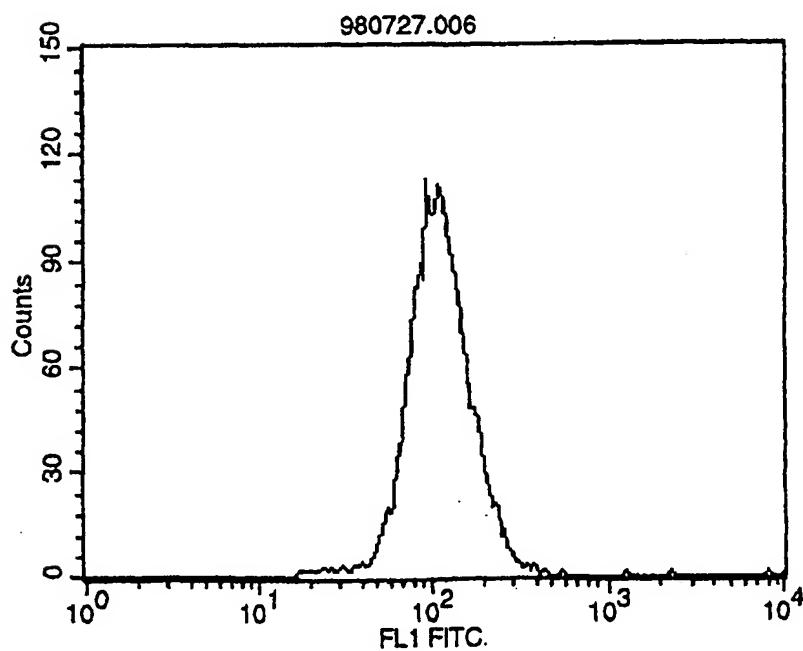


図 2



2/38

図3.

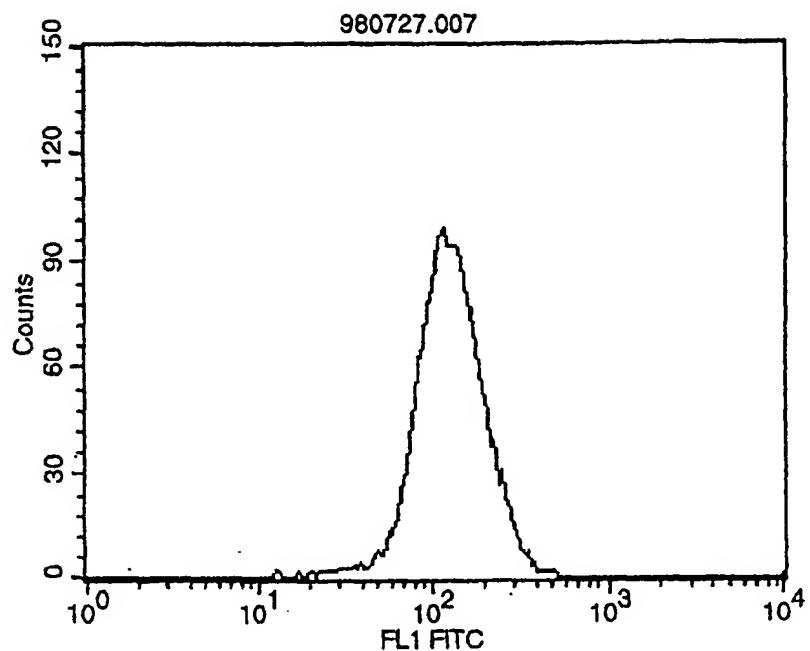


図 4

3/38

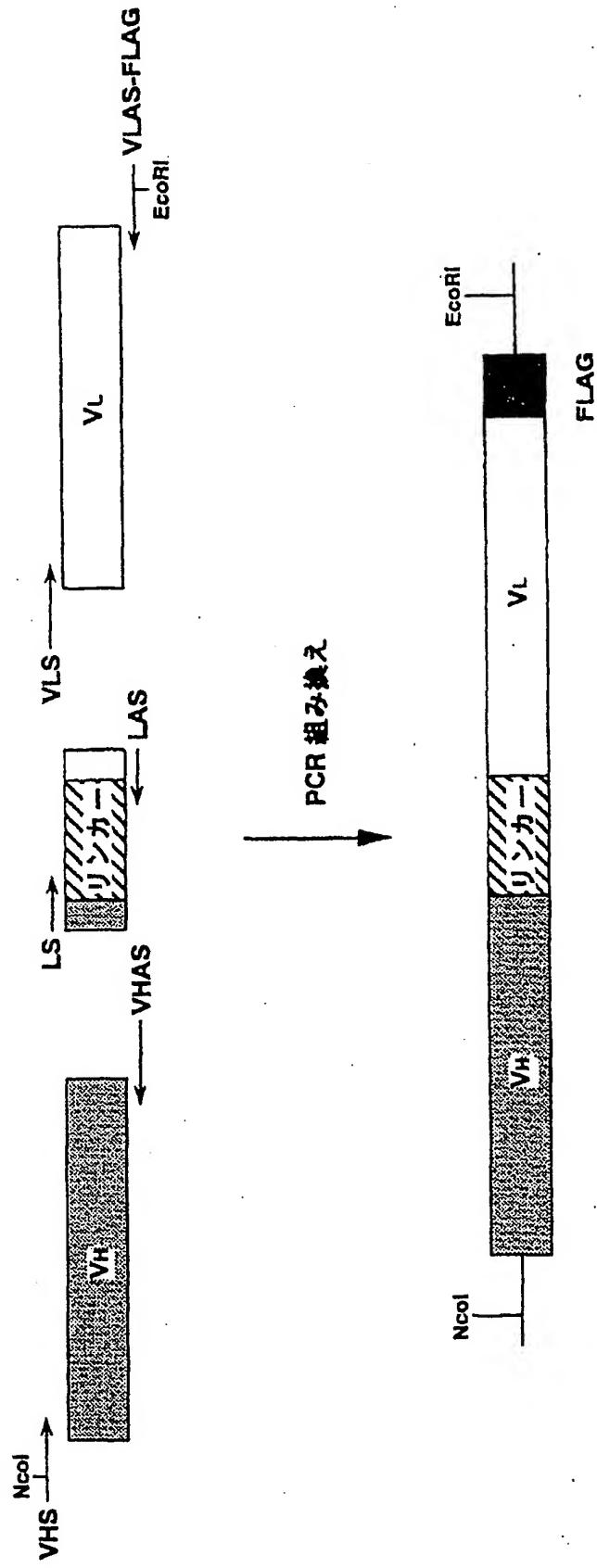


図 5

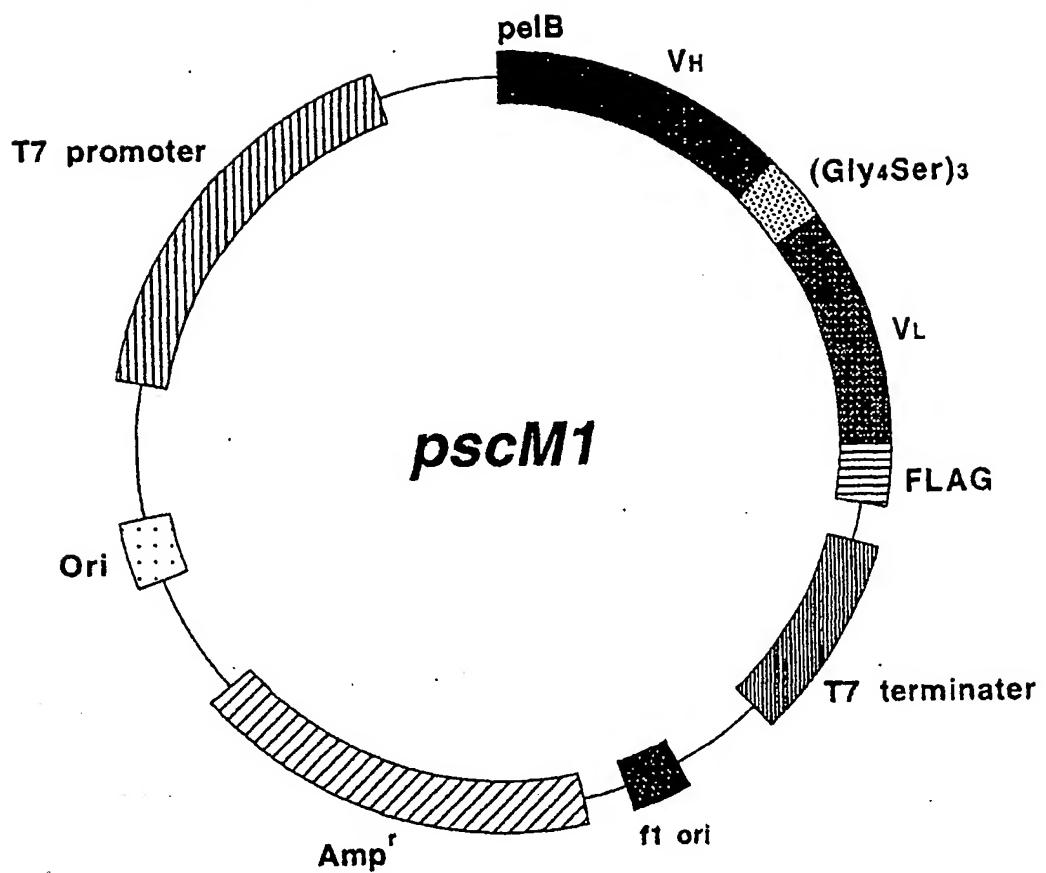


図 6

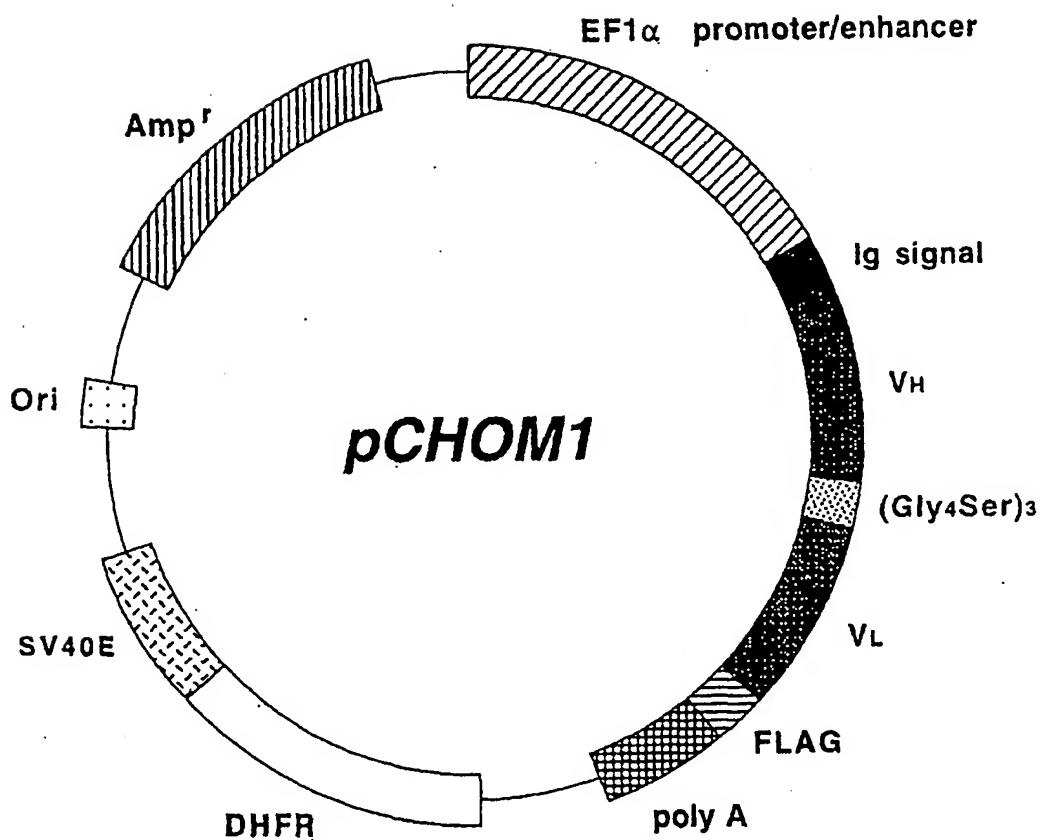
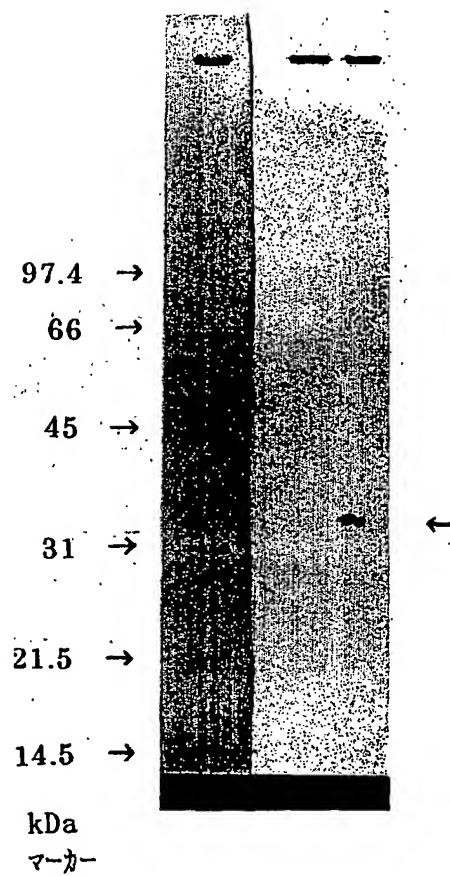


図 7



7/38

図 8

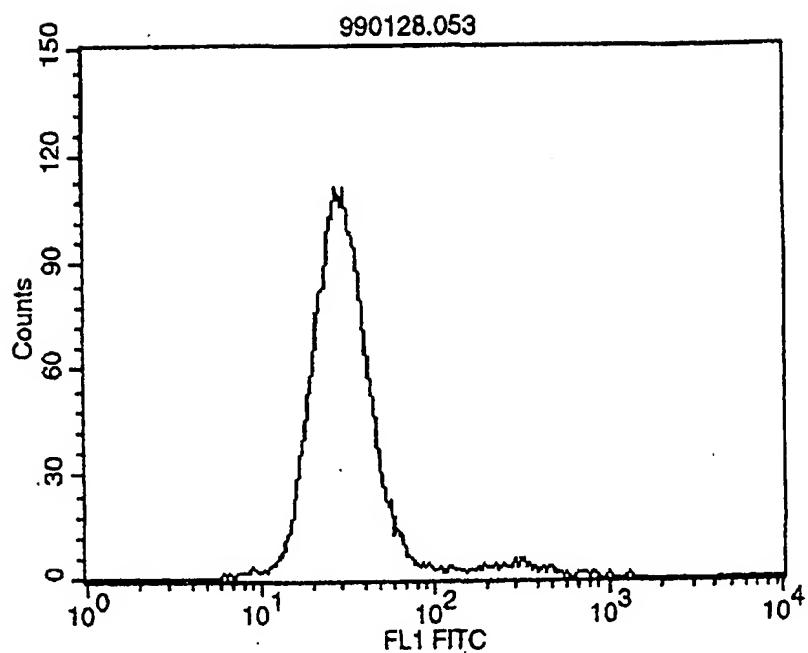


図 9

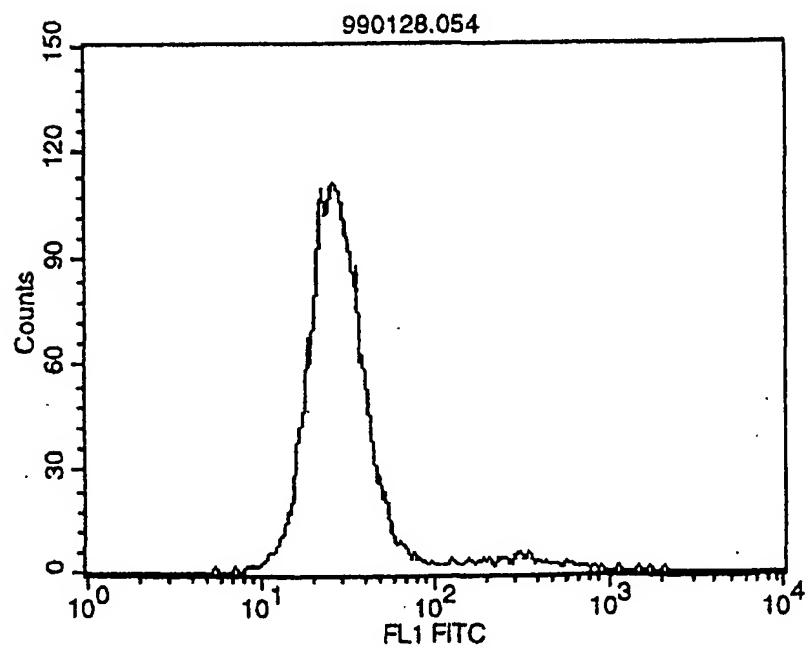


図 1 0

8/38

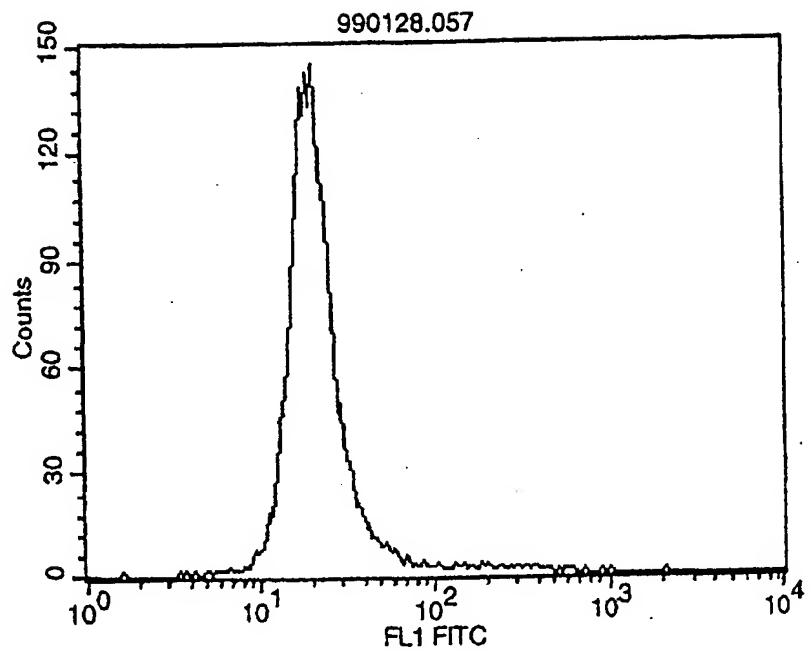


図 1 1

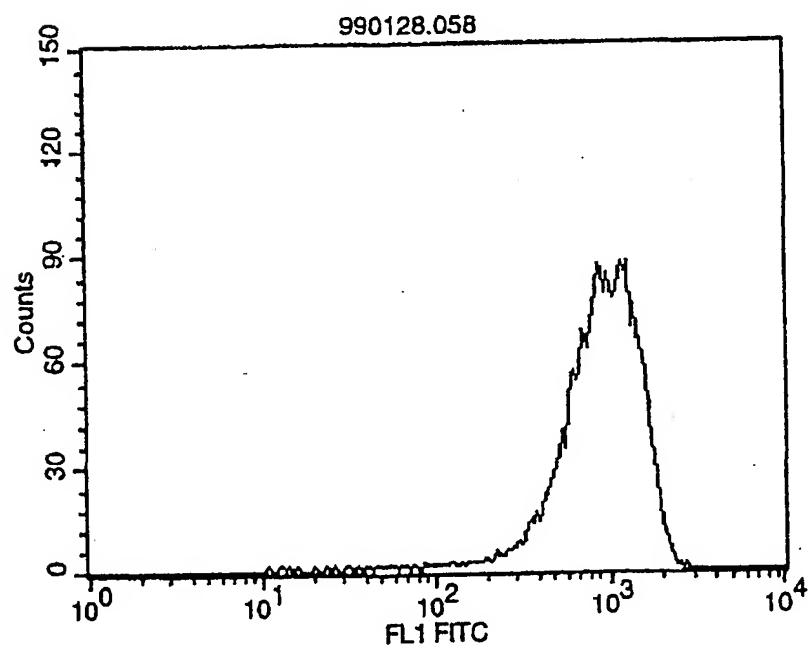


図 1 2

9/38

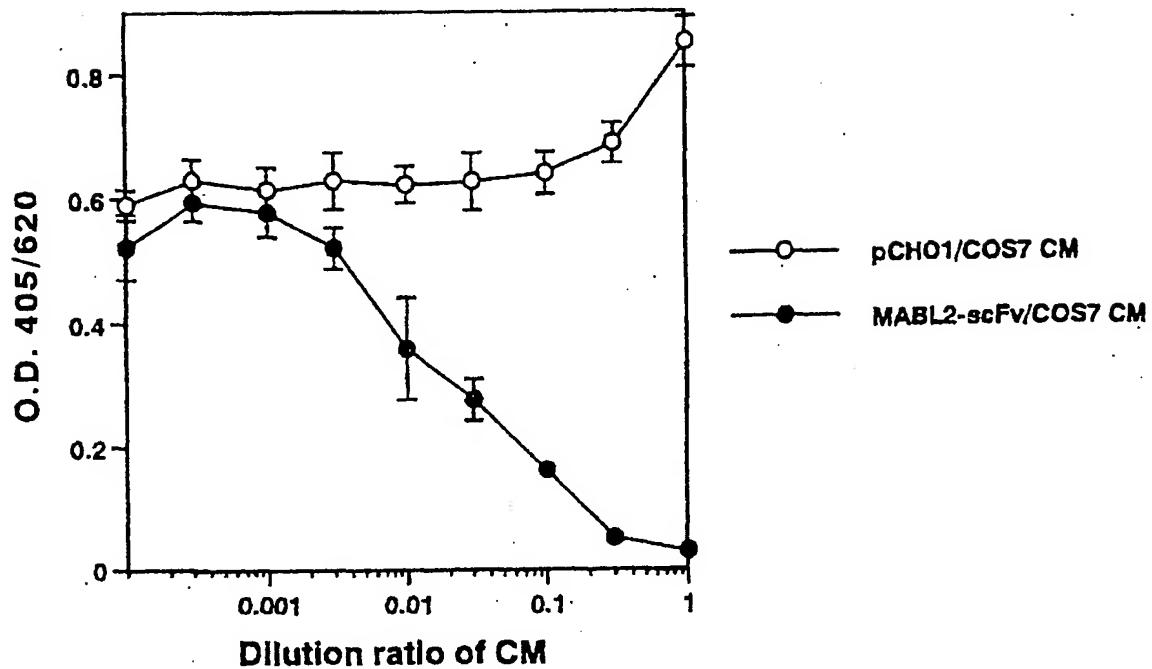
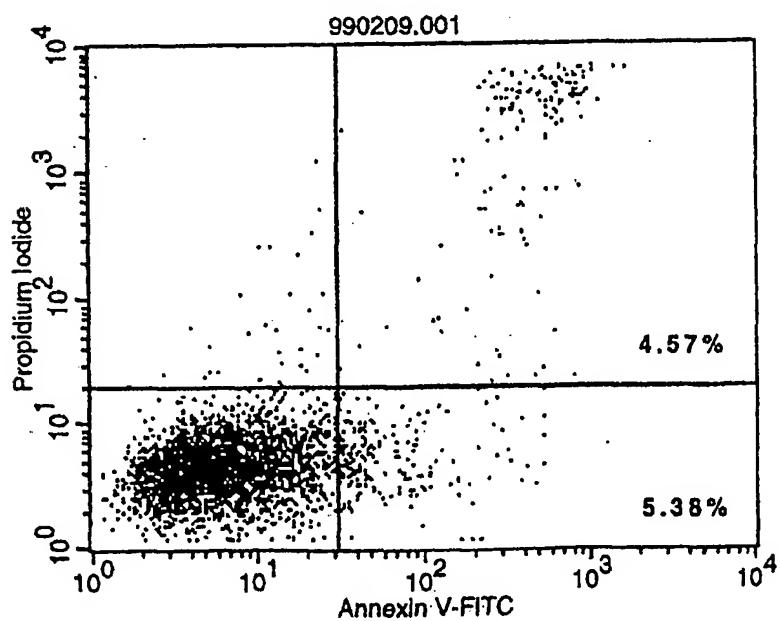
Competitive ELISA

図 1 3



10/38

図 1 4

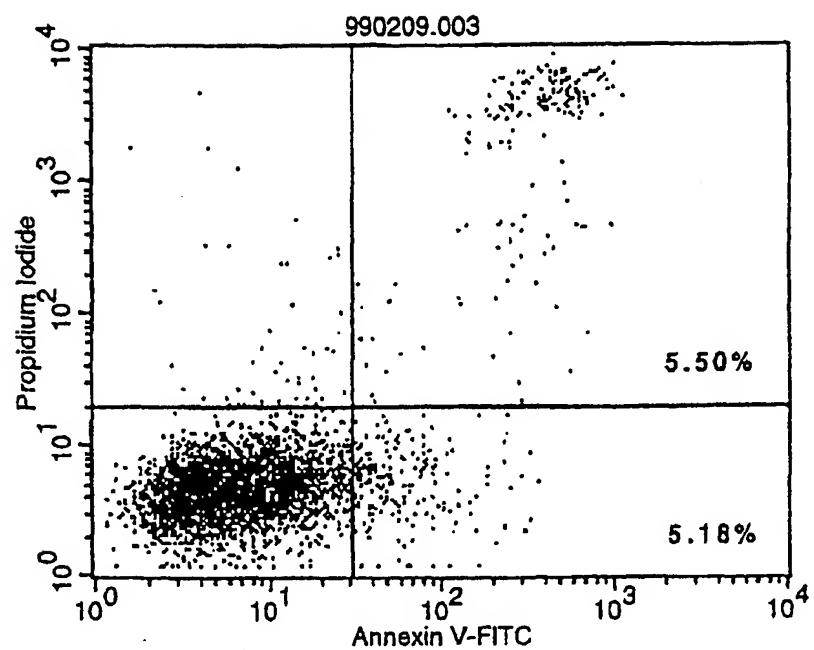
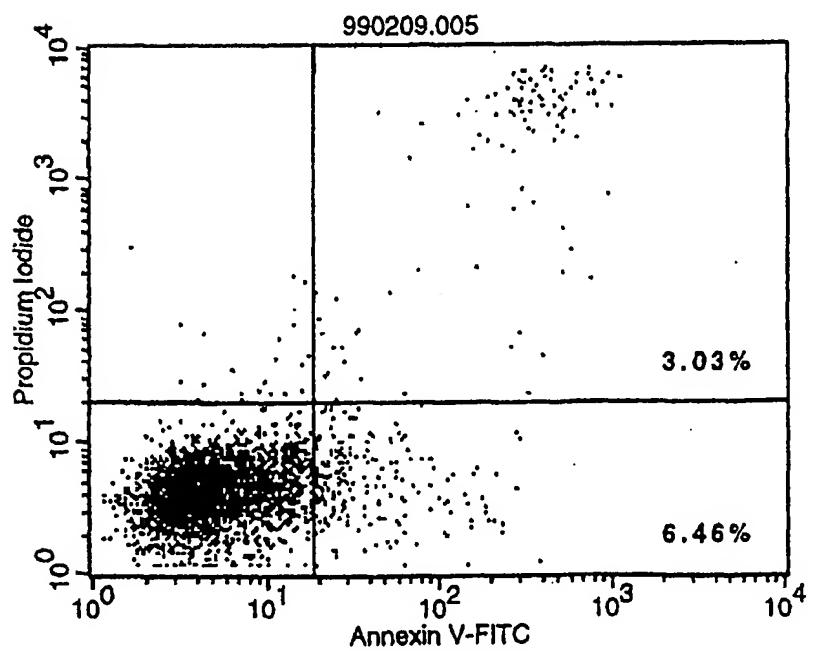


図 1 5



11/38

図 1 6

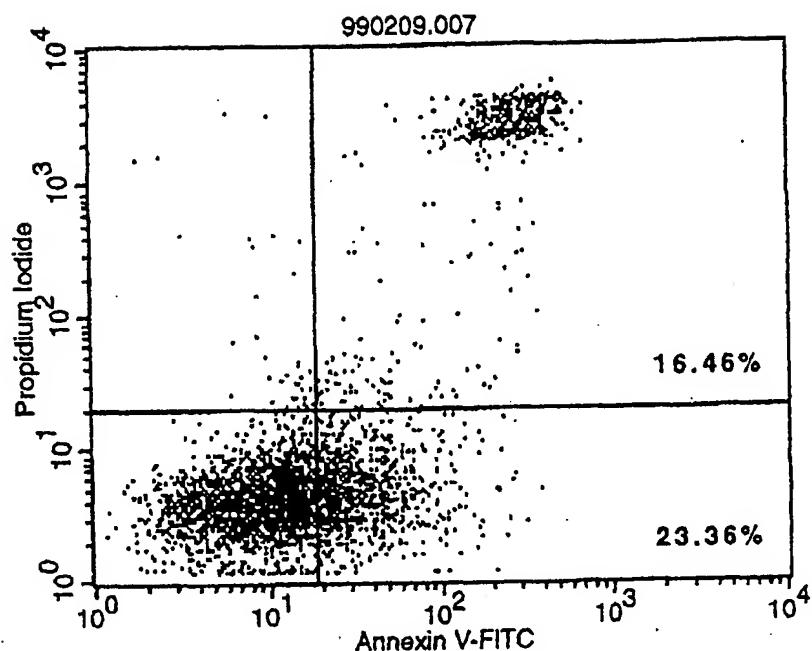
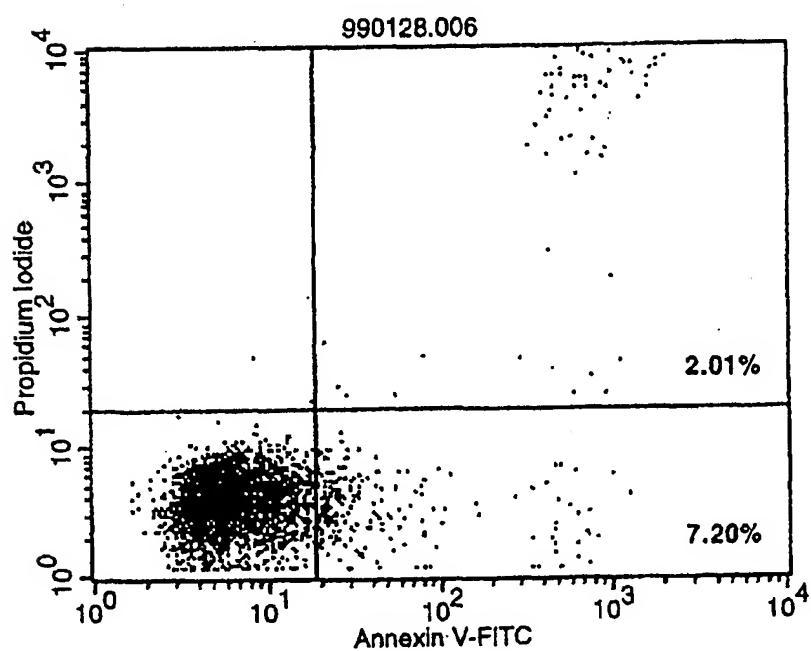
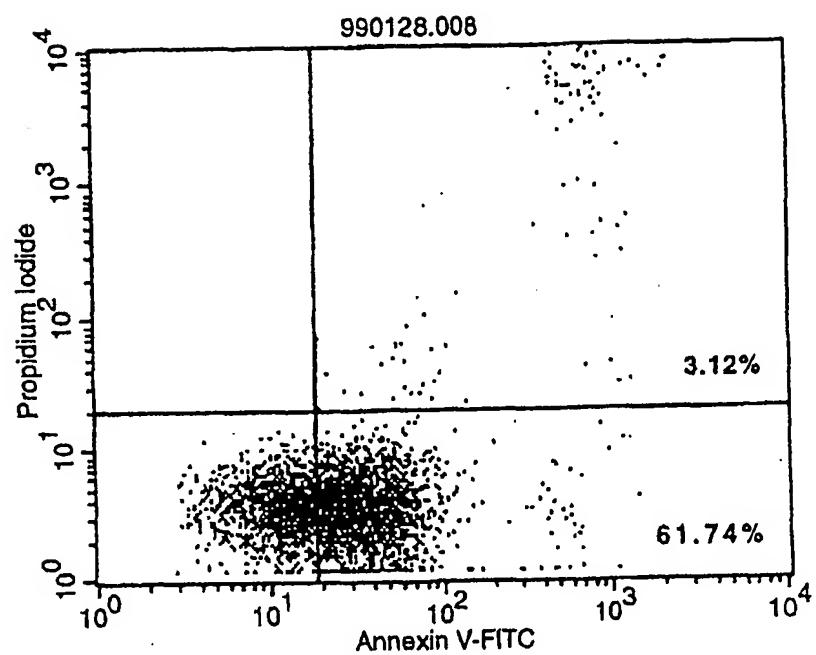


図 1 7



12/38

図 1 8



13/38

図 19

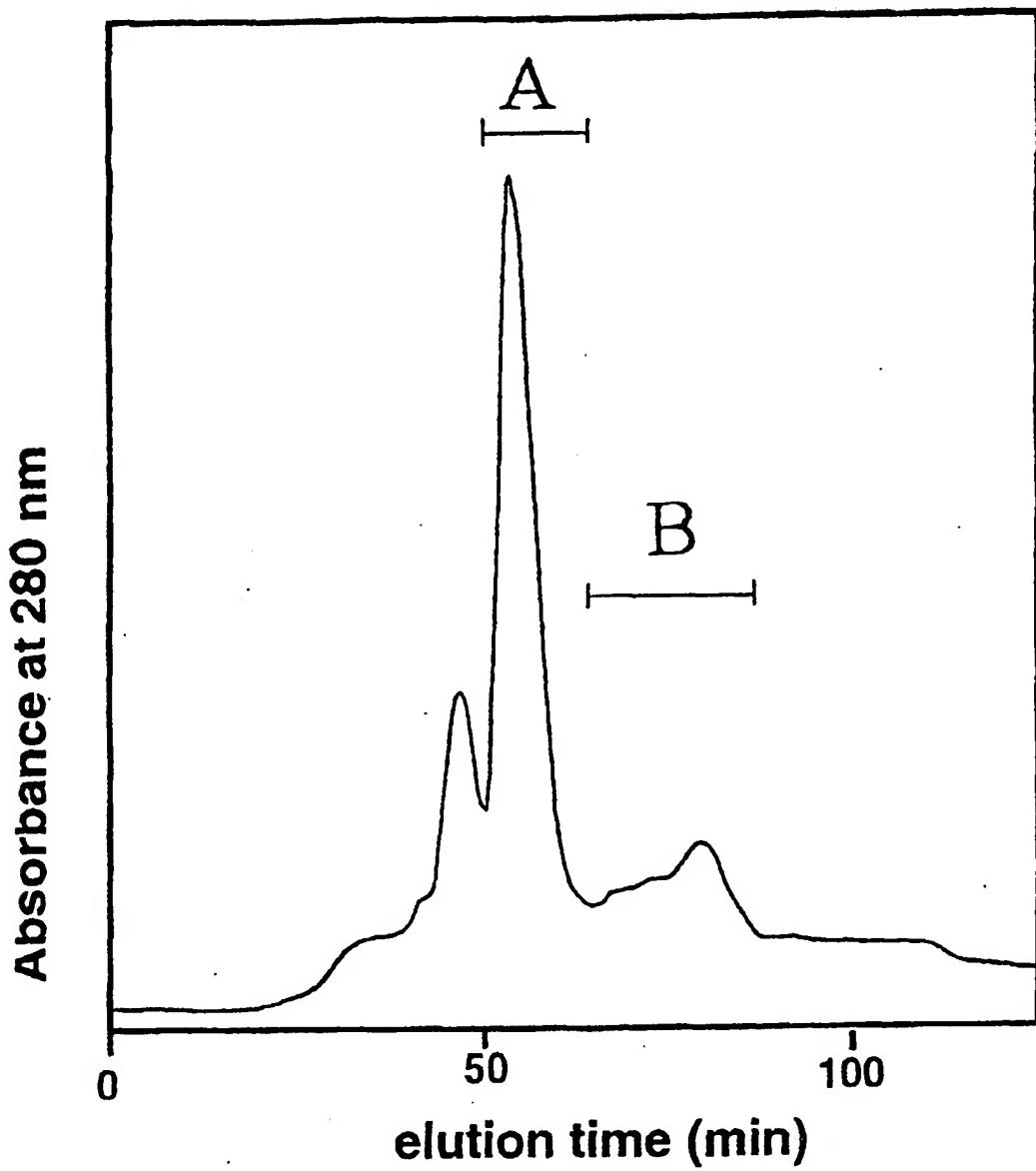


図 20

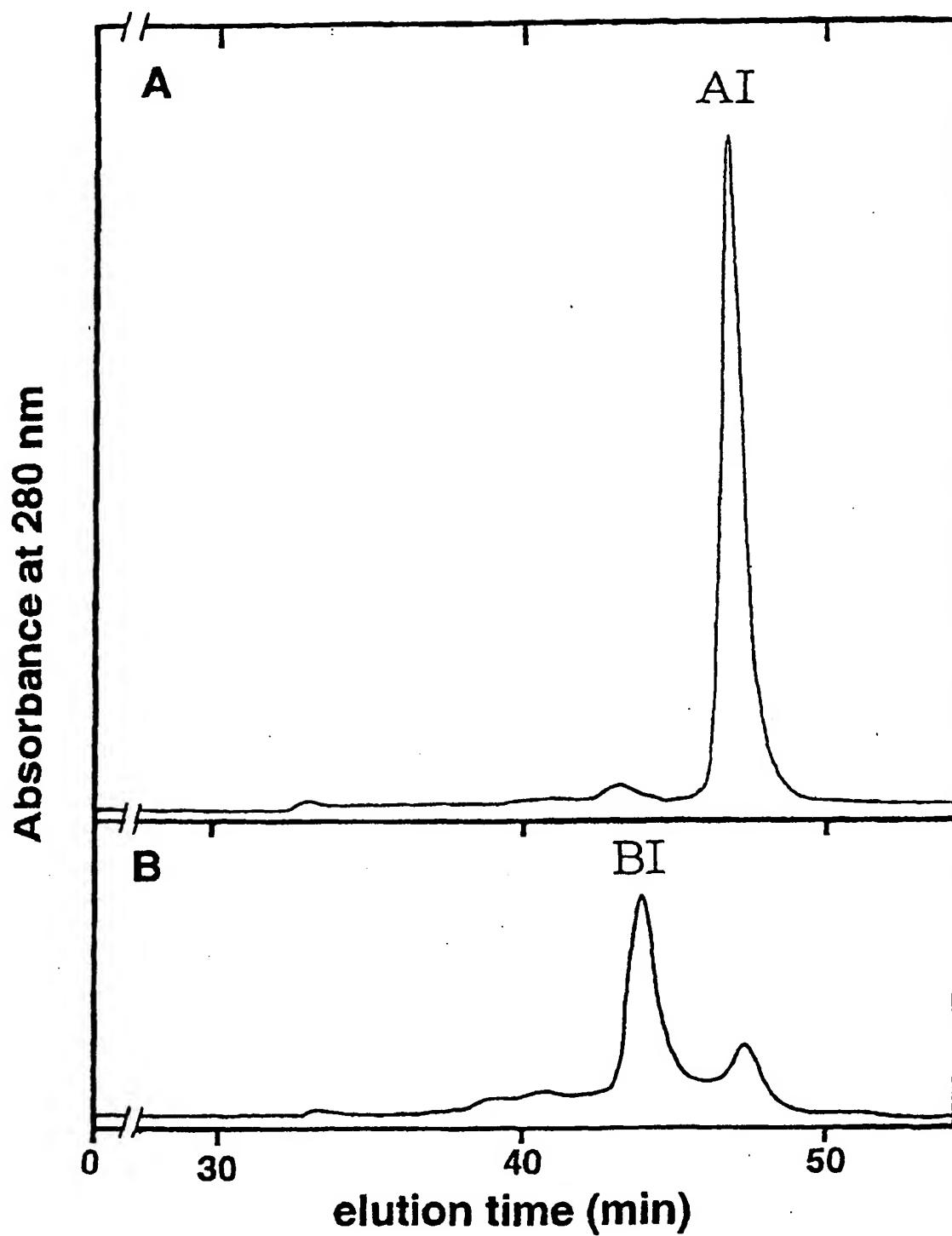
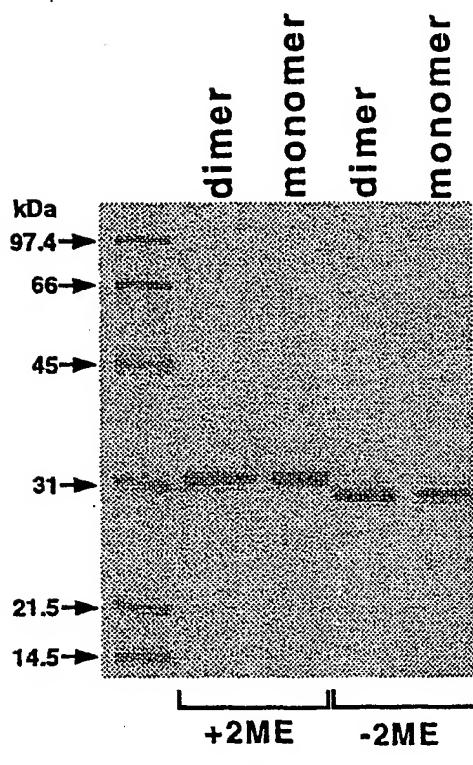


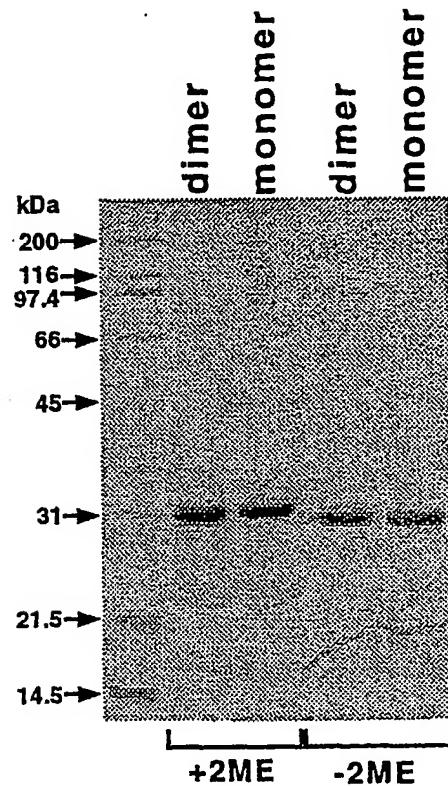
図 21

SDS-PAGE analysis of MABL2-scFv

<CHO>



<E. coli>



16/38

図 22

TSK gel G3000SW
20 mM Acetate buffer, 0.15 M NaCl, pH 6.0

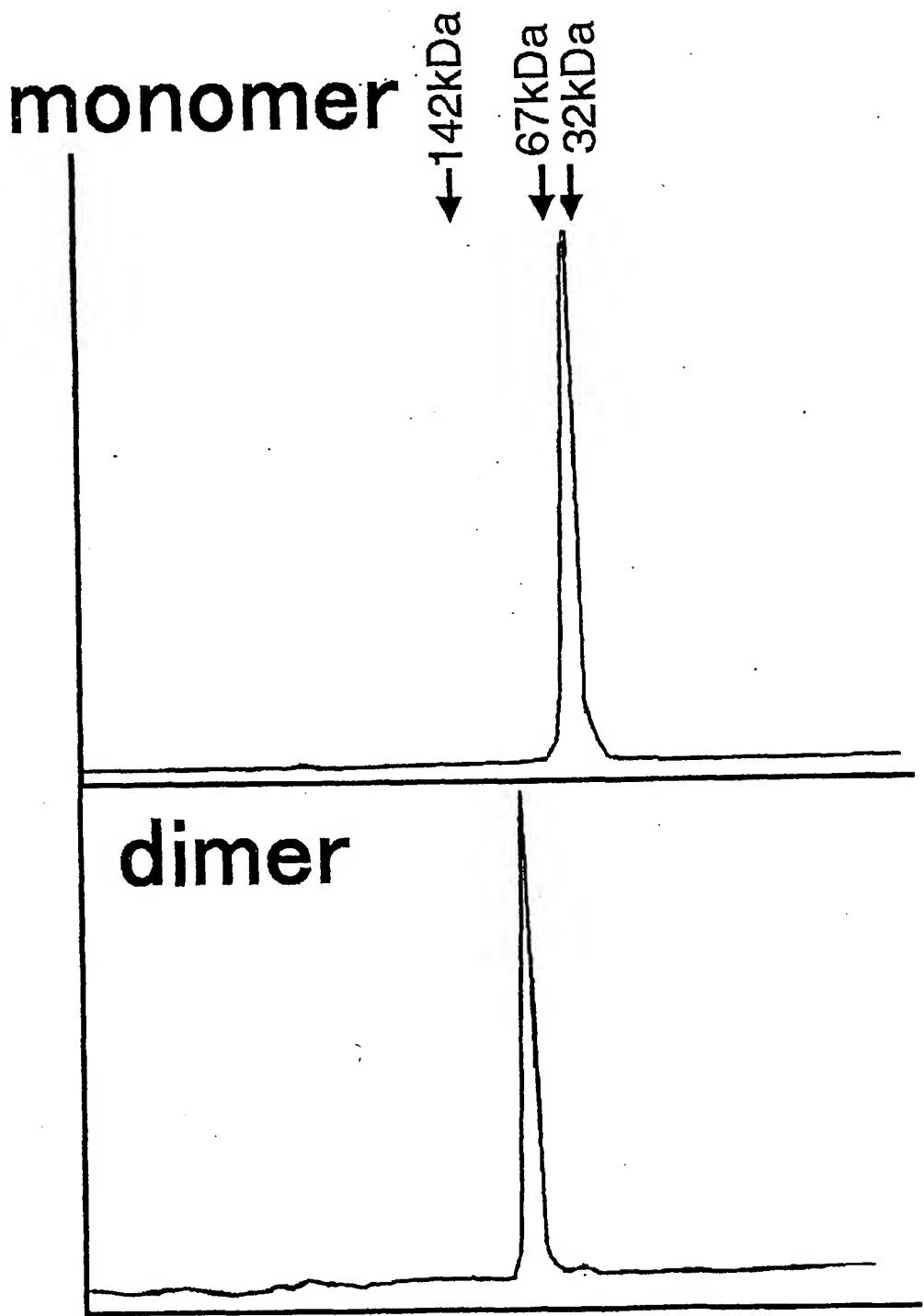
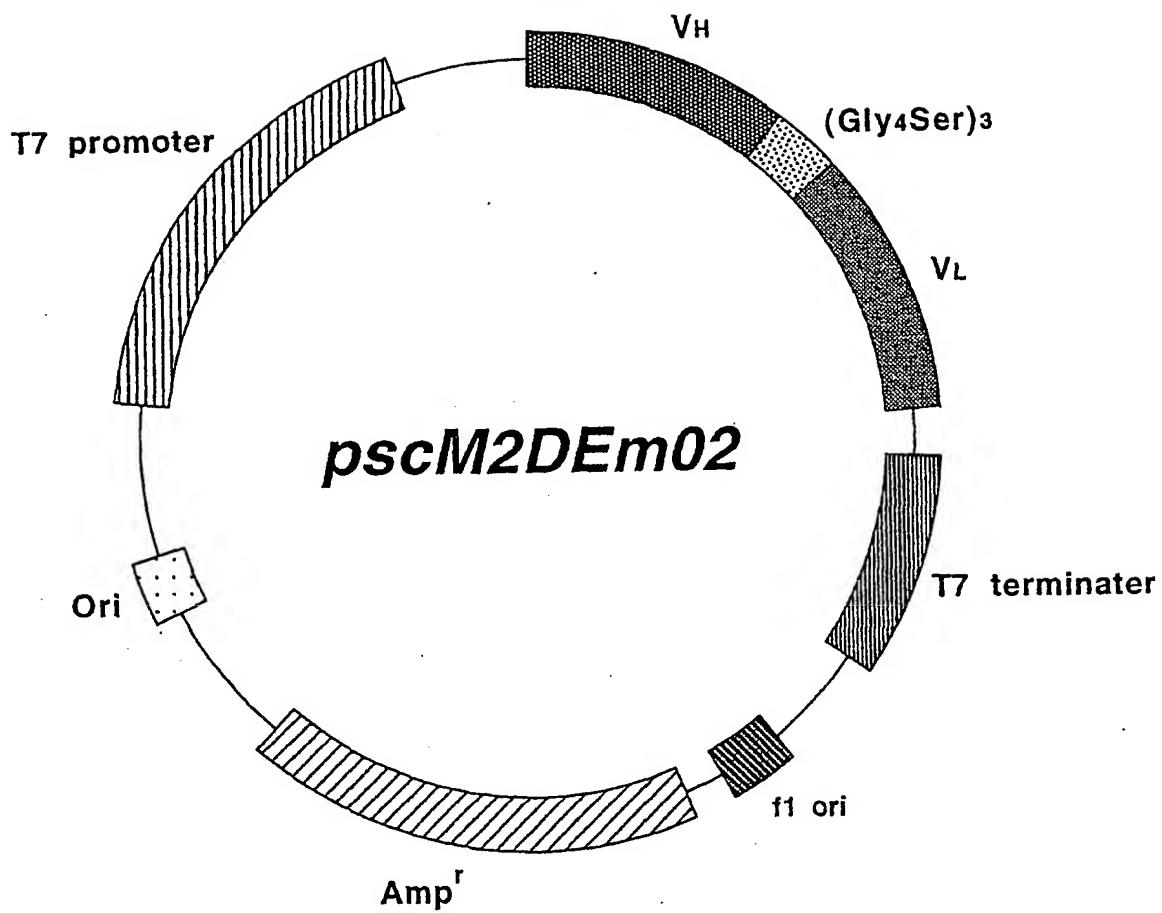
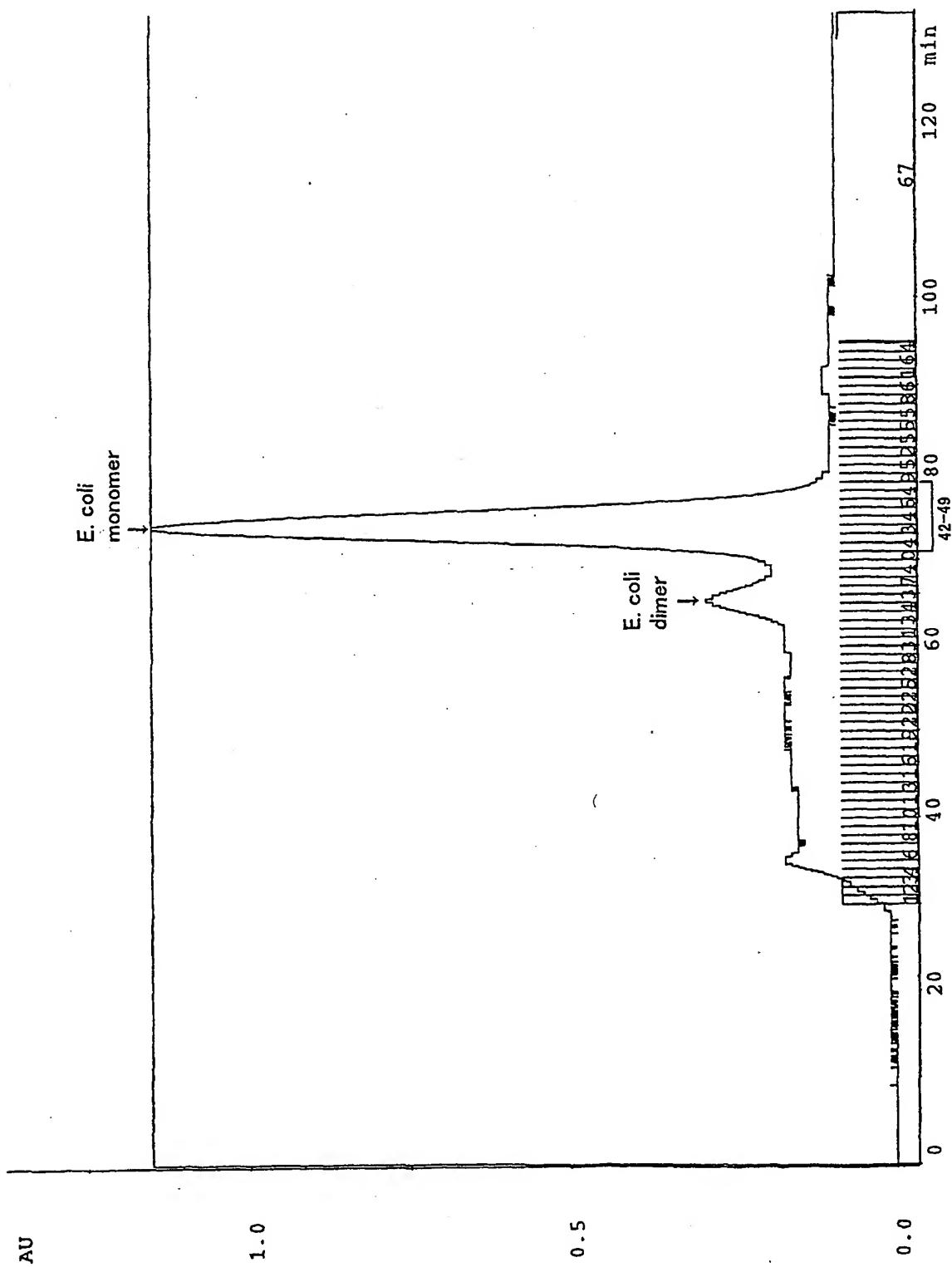


図 23



18/38

図 24



19/38

図 25

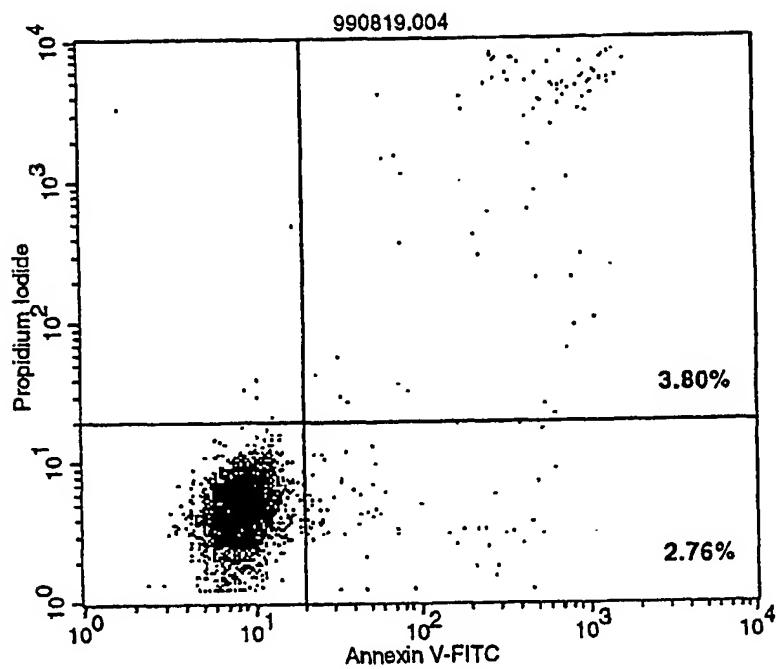
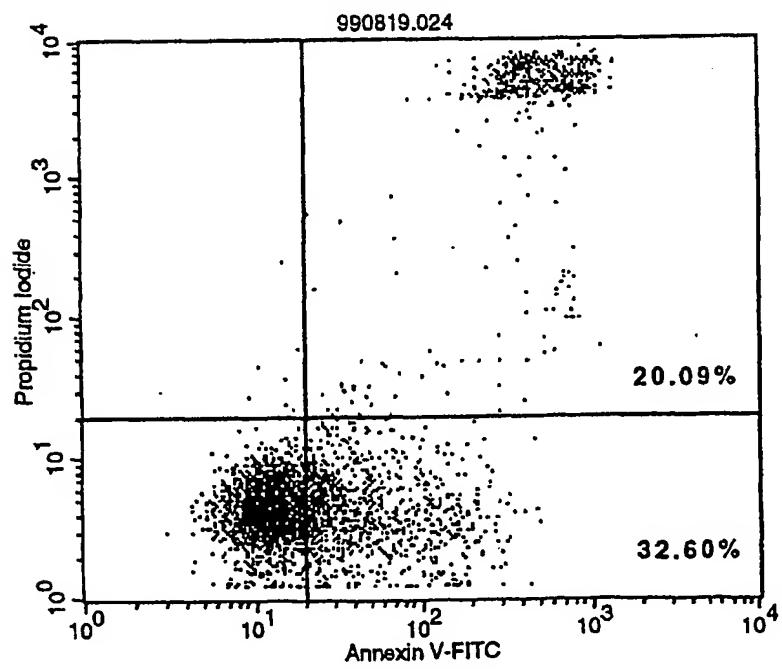


図 26



20/38

図 27

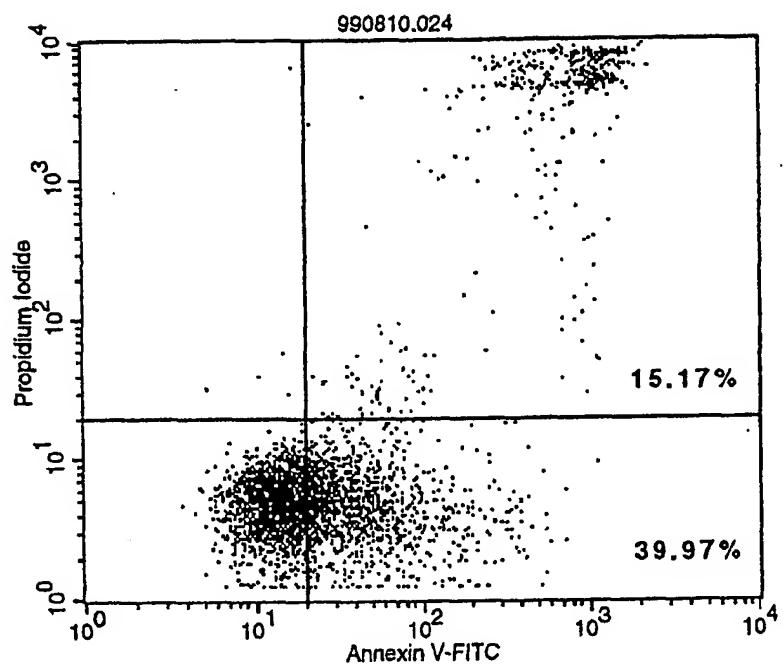
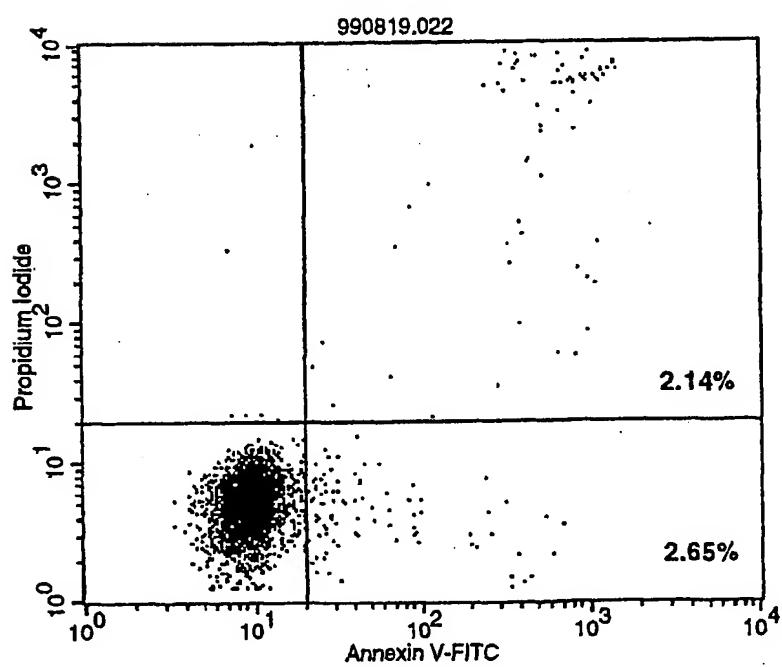
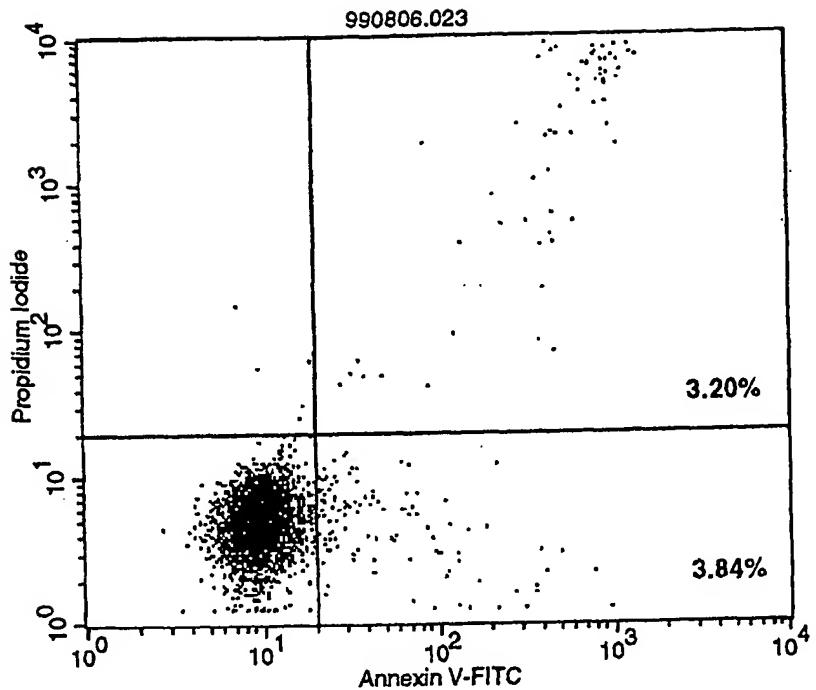


図 28



21/38

図 29



22/38

図 3 0

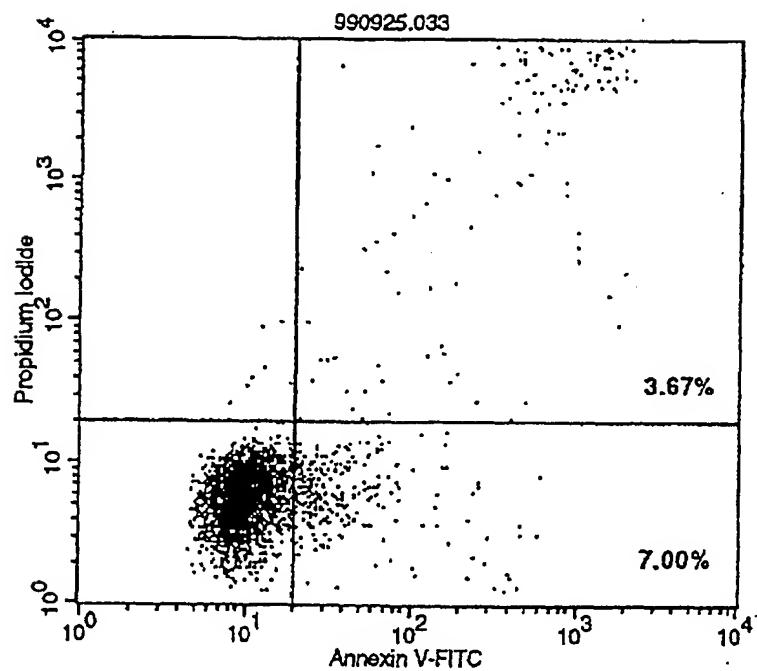


図 3 1

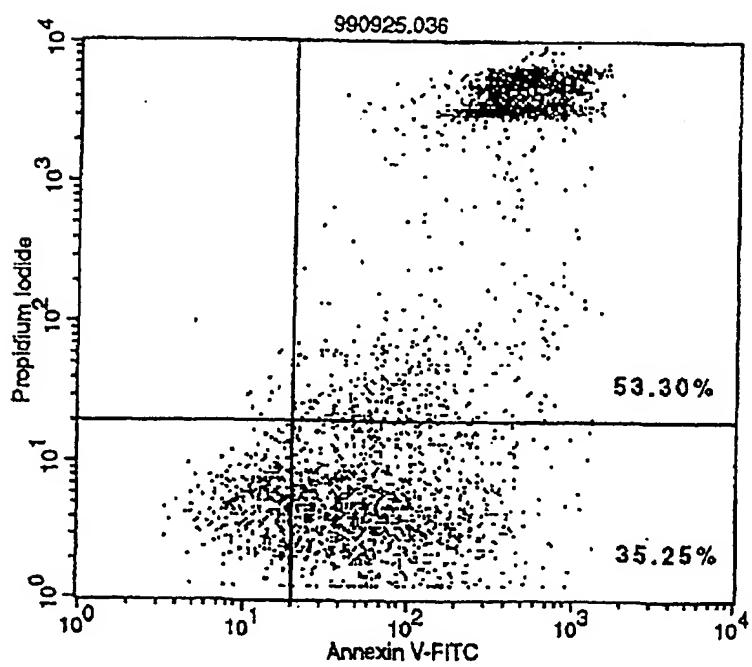
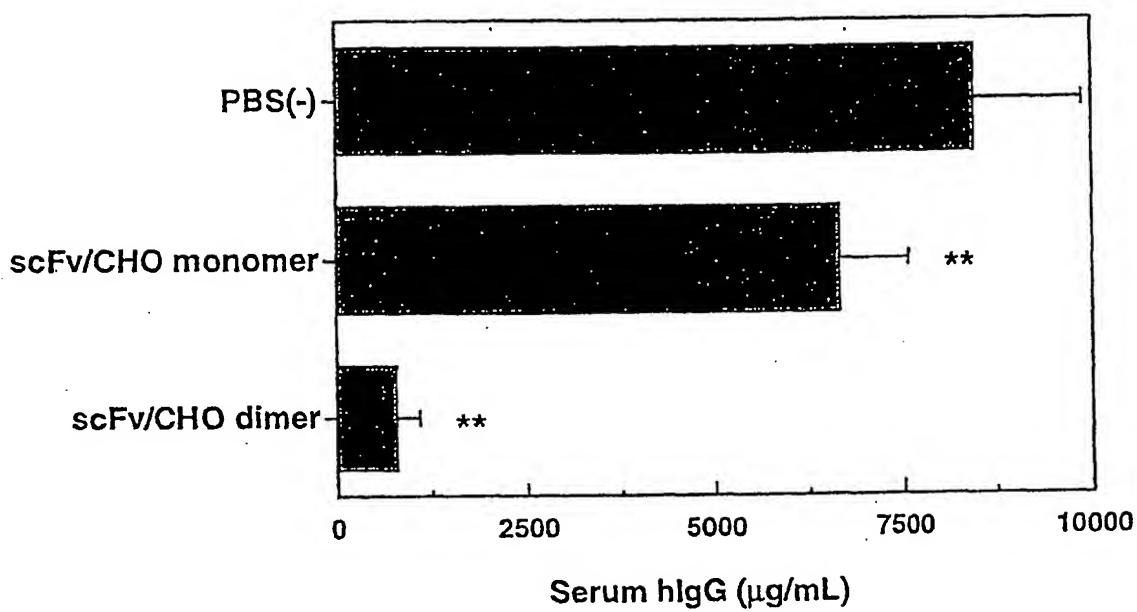


図 32

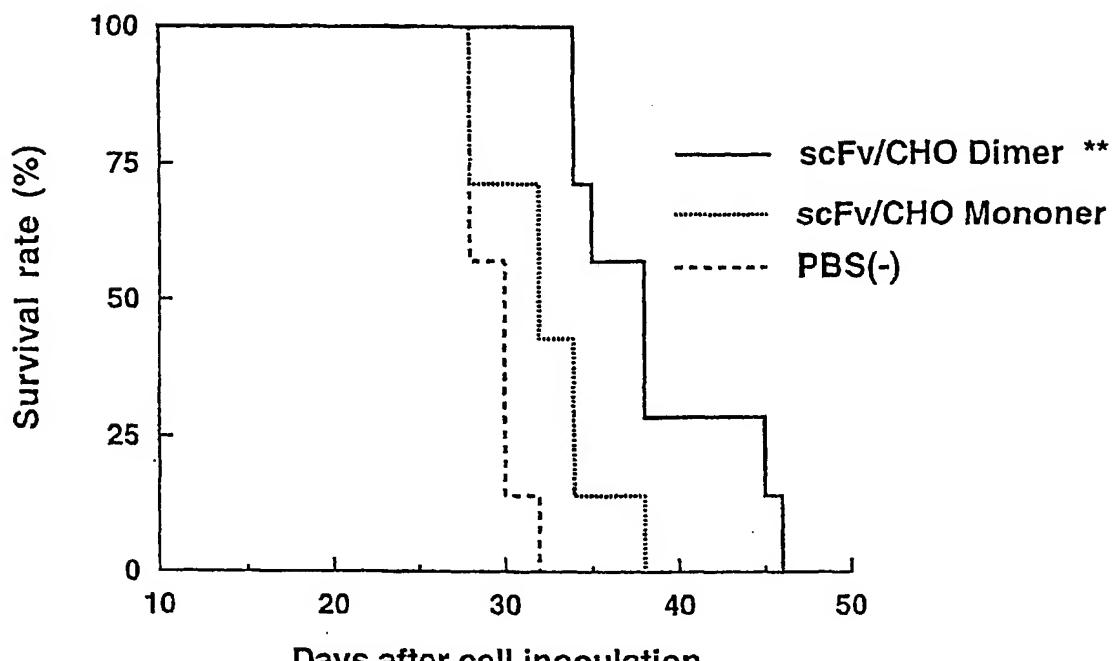
*Effect of MABL-2 (scFv) on serum hIgG
in KPMM2 i.v. SCID mice*



** : p<0.01

図 33

*Effect of MABL-2 (scFv) on survival
of KPMM2 i.v. SCID mice*



** ; P<0.01 by t-test

図 34

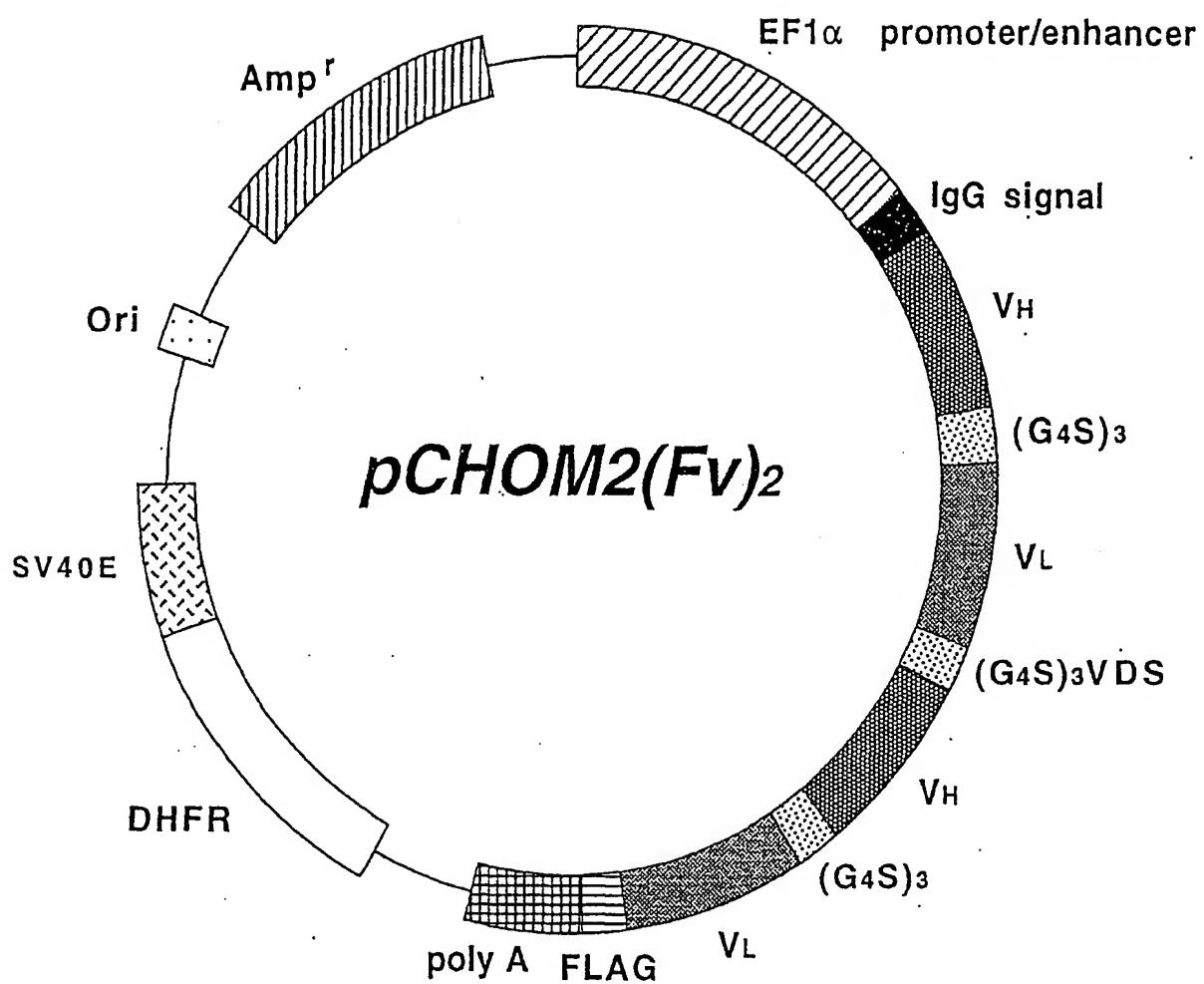


図 35

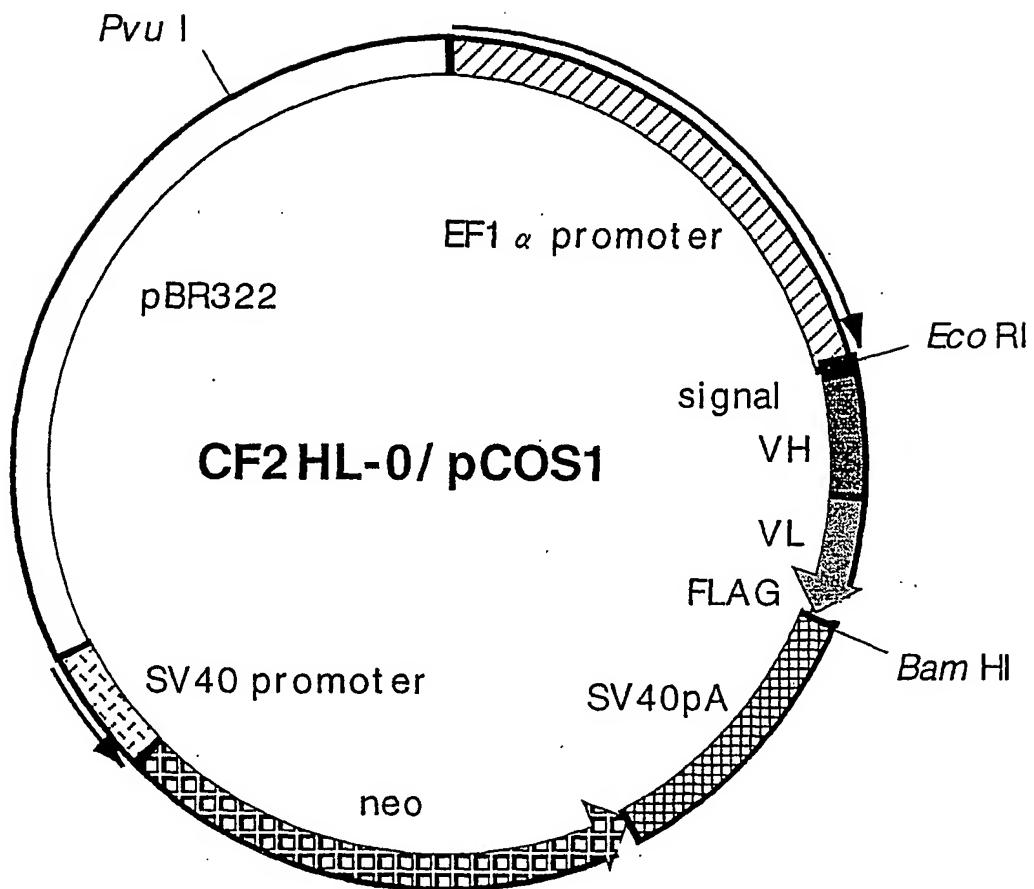
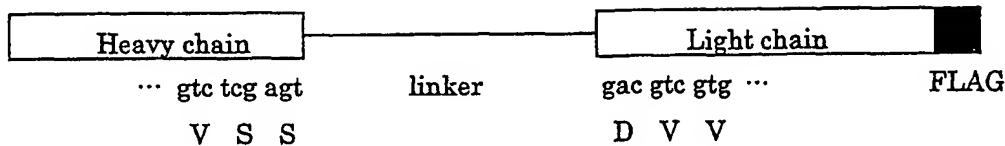


図 36

<HLタイプのリンカー塩基配列とアミノ酸配列>



Plasmid	Number of		linker
	linker	amino acid	
CF2HL-0/pCOS1	0	gtc tcg agt V S S	gac gtc gtg D V V
CF2HL-3/pCOS1	3	gtc tcg agt ggt ggt tcc V S S G G S	gac gtc gtg D V V
CF2HL-4/pCOS1	4	gtc tcg agt ggt ggt ggt tcc V S S G G G S	gac gtc gtg D V V
CF2HL-5/pCOS1	5	gtc tcg agt ggt ggt ggt ggt tcc V S S G G G G S	gac gtc gtg D V V
CF2HL-6/pCOS1	6	gtc tcg agt gt ggt ggt ggt ggt tcc V S S G G G G G S	gac gtc gtg D V V
CF2HL-7/pCOS1	7	gtc tcg agt ggt ggt ggt ggt ggt tcc V S S G G G G G G S D V V	gac gtc gtg

図 37

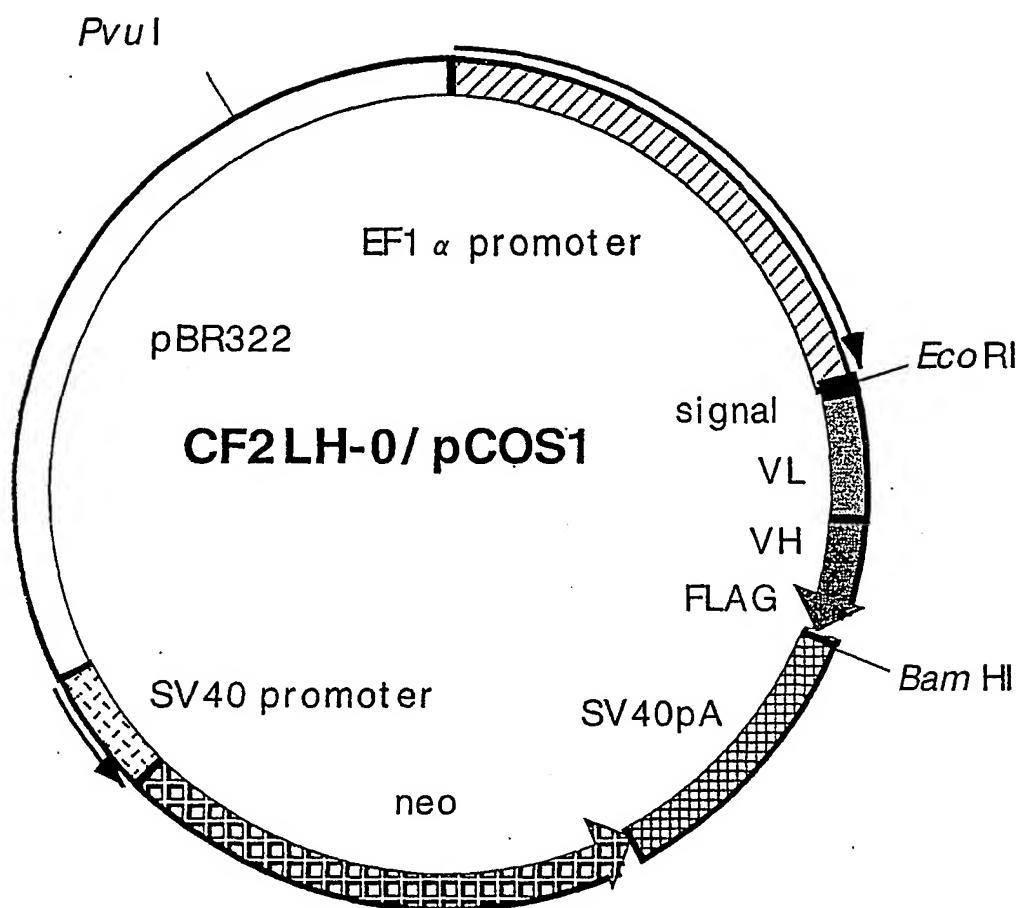
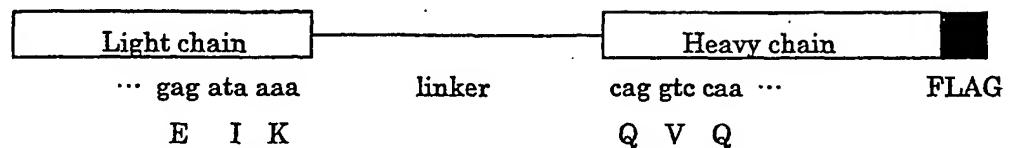


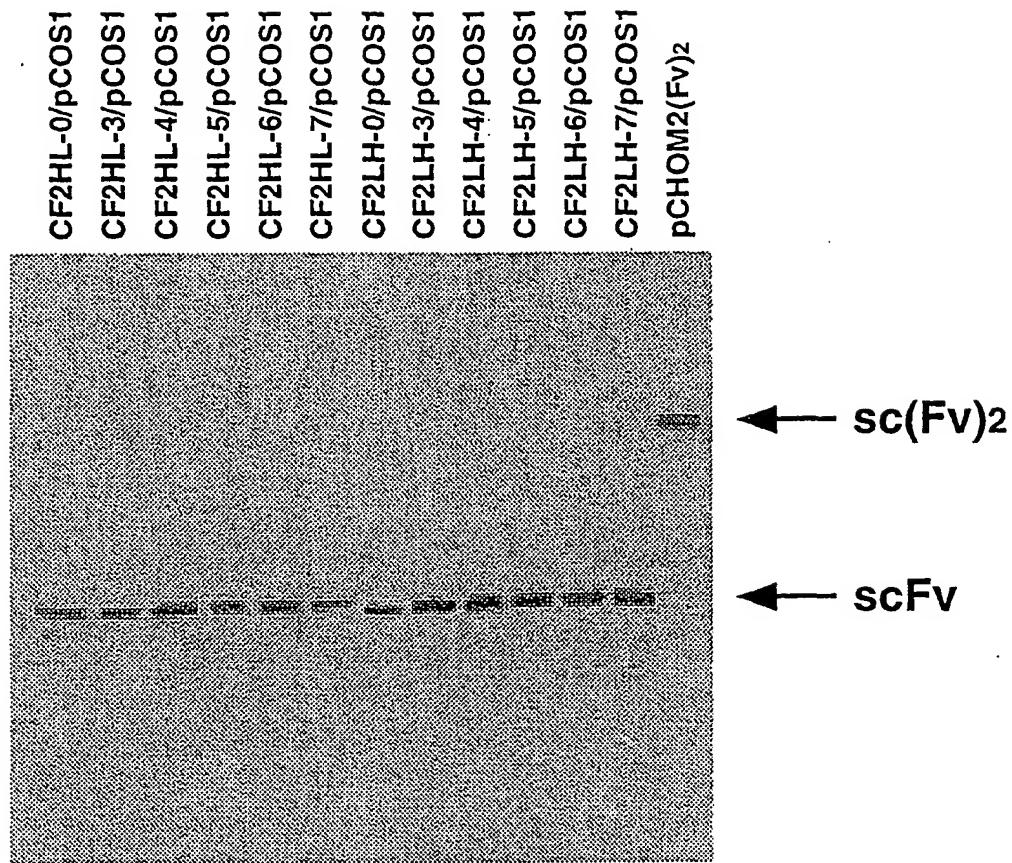
図 38

〈LHタイプのリンカー塩基配列とアミノ酸配列〉



Plasmid	linker amino acid	Number of linker												
		linker												
CF2LH-0/pCOS1	0	gag	ata	aaa			cag	gtc	caa					
		E	I	K			Q	V	Q					
CF2LH-3/pCOS1	3	gag	ata	aaa	tcc	gga	ggc			cag	gtc	caa		
		E	I	K	S	G	G	Q	V	Q				
CF2LH-4/pCOS1	4	gag	ata	aaa	tcc	gga	ggt	ggc		cag	gtc	caa		
		E	I	K	S	G	G	G	Q	V	Q			
CF2LH-5/pCOS1	5	gag	ata	aaa	tcc	gga	ggt	ggt	ggc		cag	gtc	caa	
		E	I	K	S	G	G	G	G	Q	V	Q		
CF2LH-6/pCOS1	6	gag	ata	aaa	tcc	gga	ggt	ggt	ggt	ggc		cag	gtc	caa
		E	I	K	S	G	G	G	G	G	Q	V	Q	
CF2LH-7/pCOS1	7	gag	ata	aaa	tcc	gga	ggt	ggt	ggt	ggc	cag	gtc	caa	
		E	I	K	S	G	G	G	G	G	Q	V	Q	

図 39



31/38

図 40 a

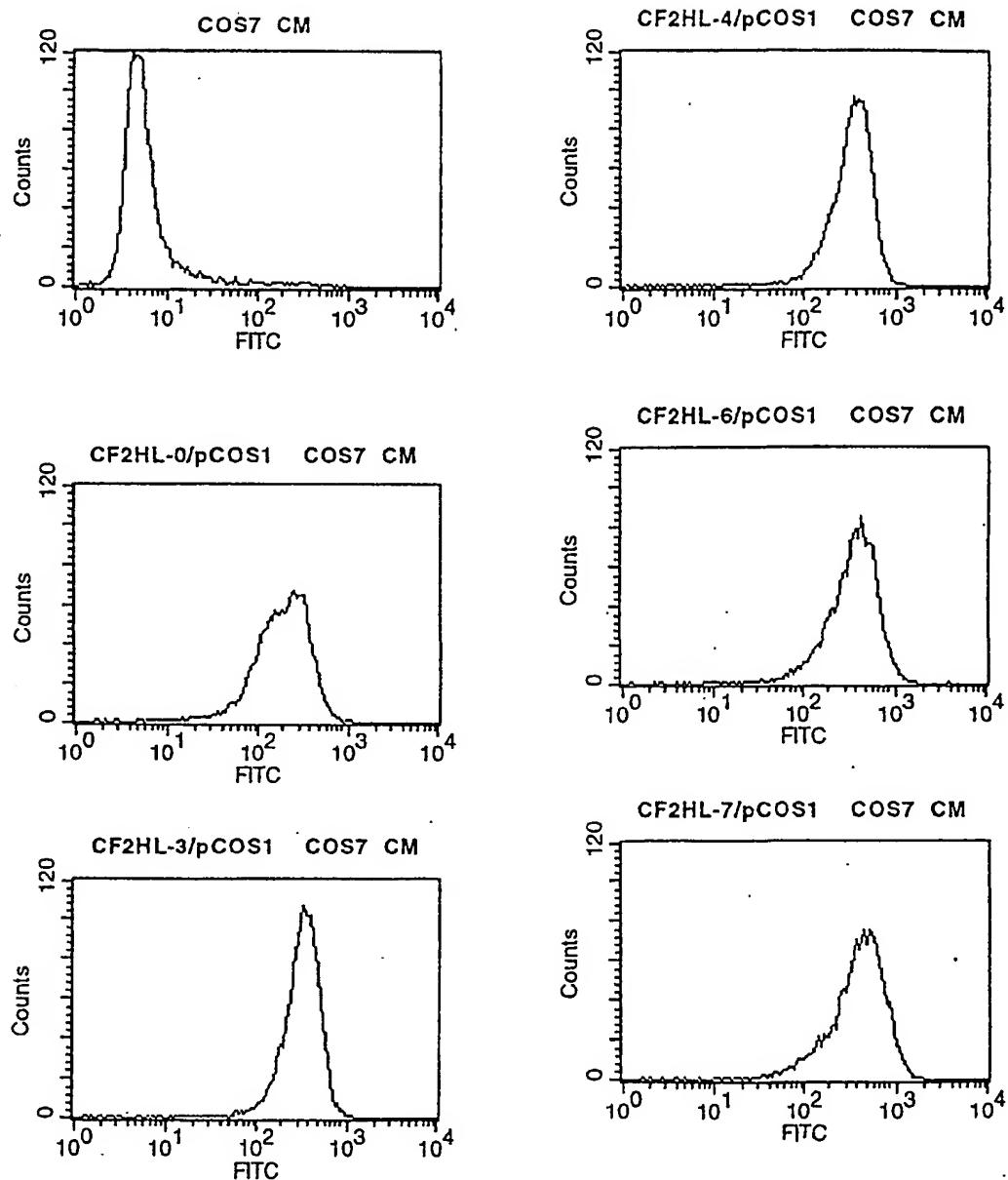
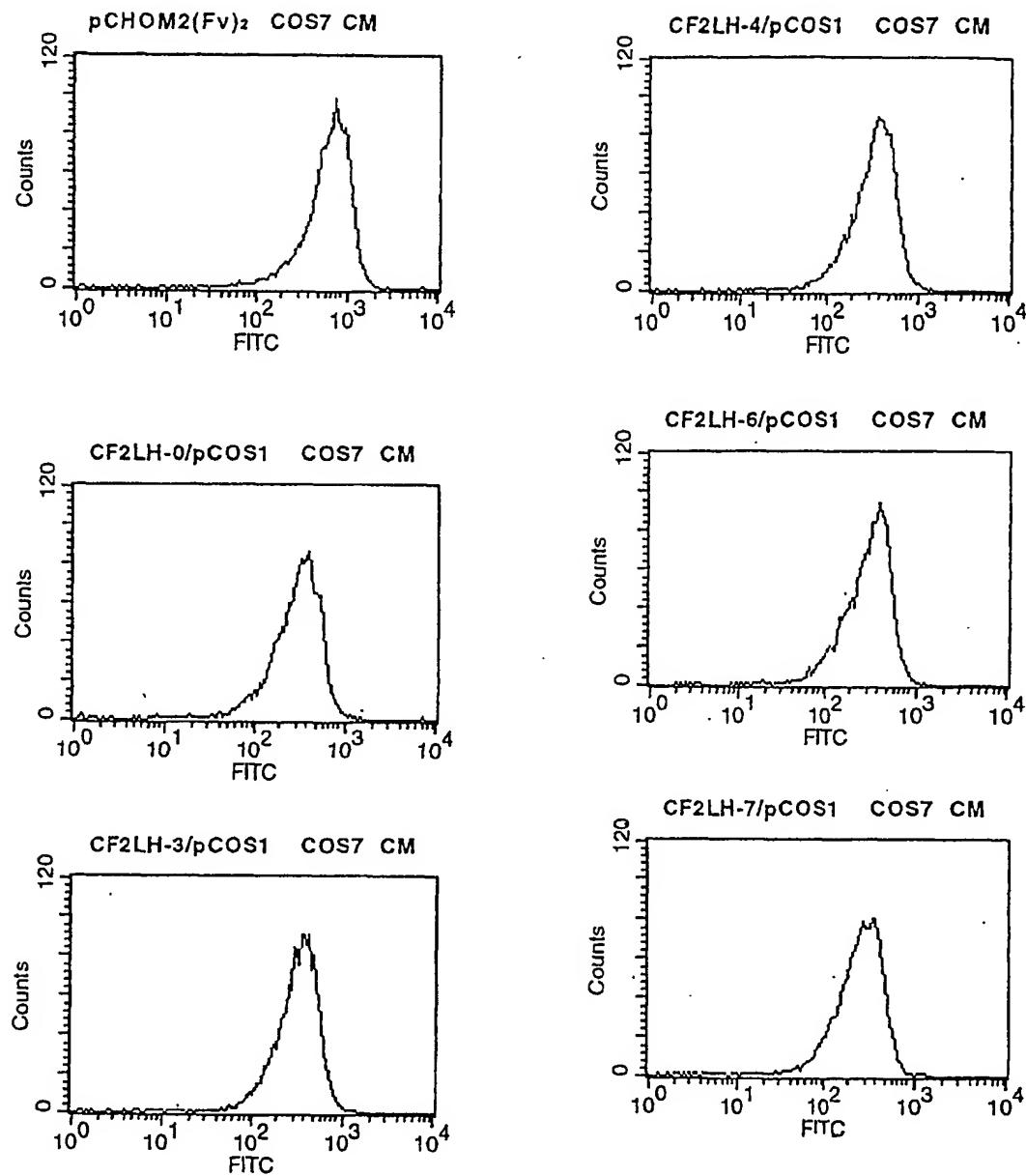


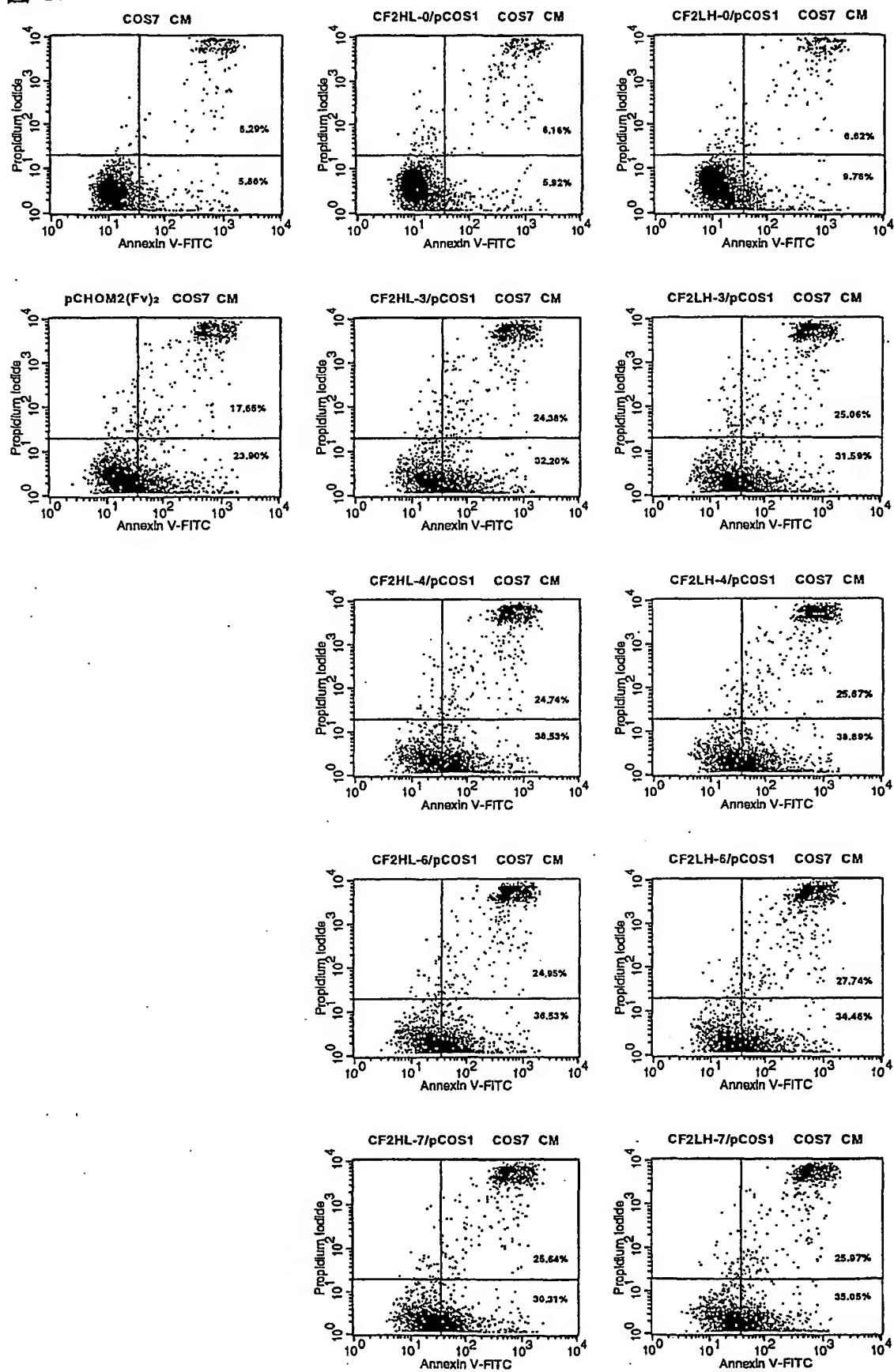
図 40 b

32/38



33/38

☒ 41



34/38

図 42

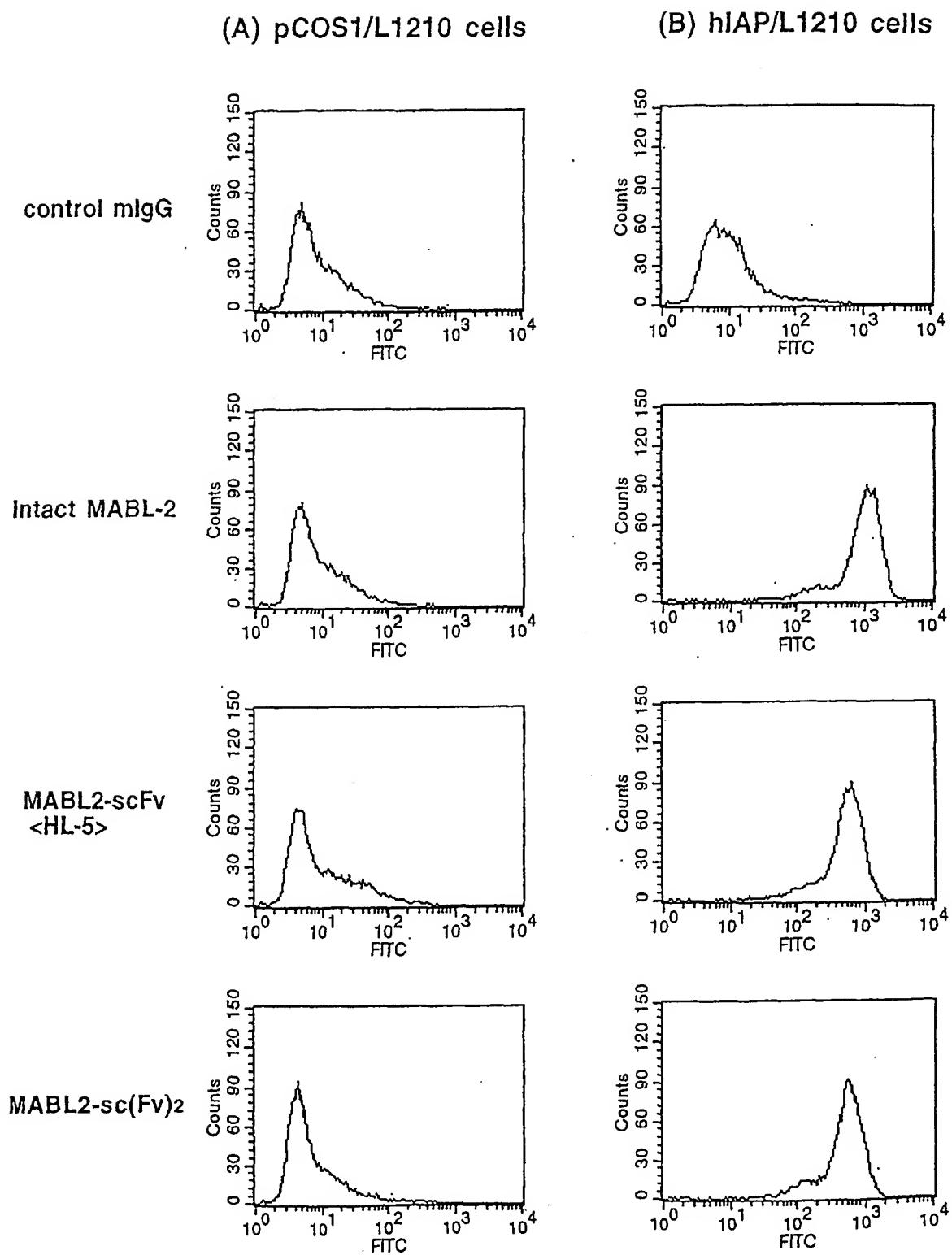


図 43

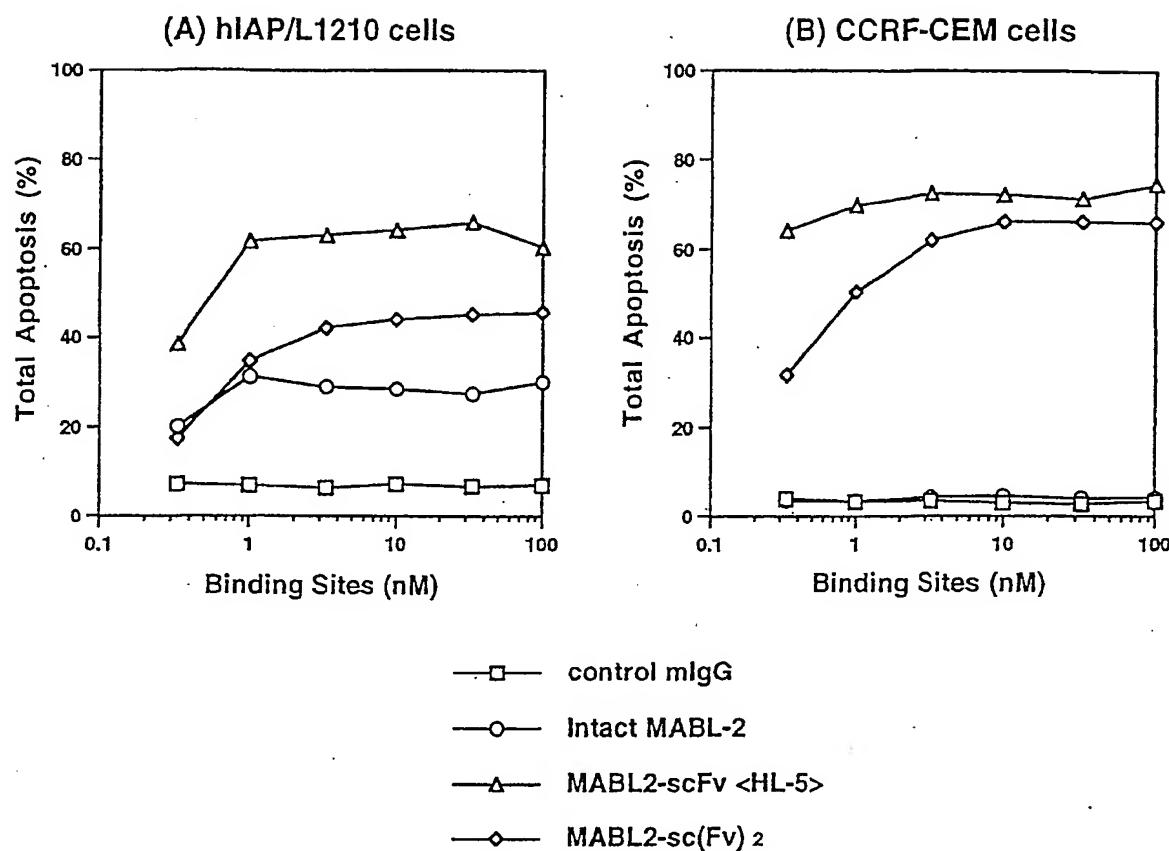


図 4 4

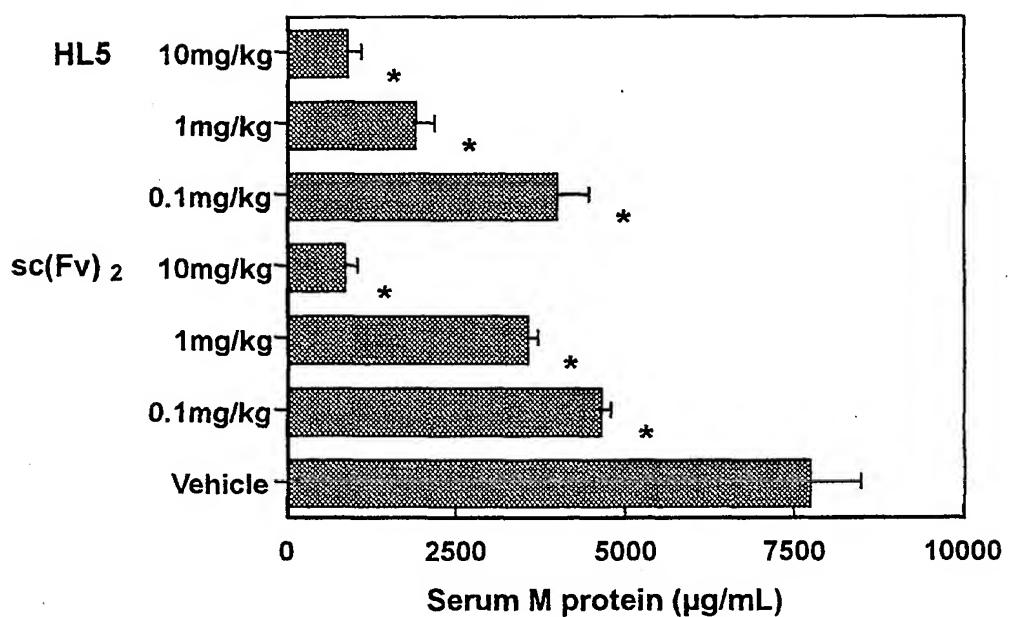
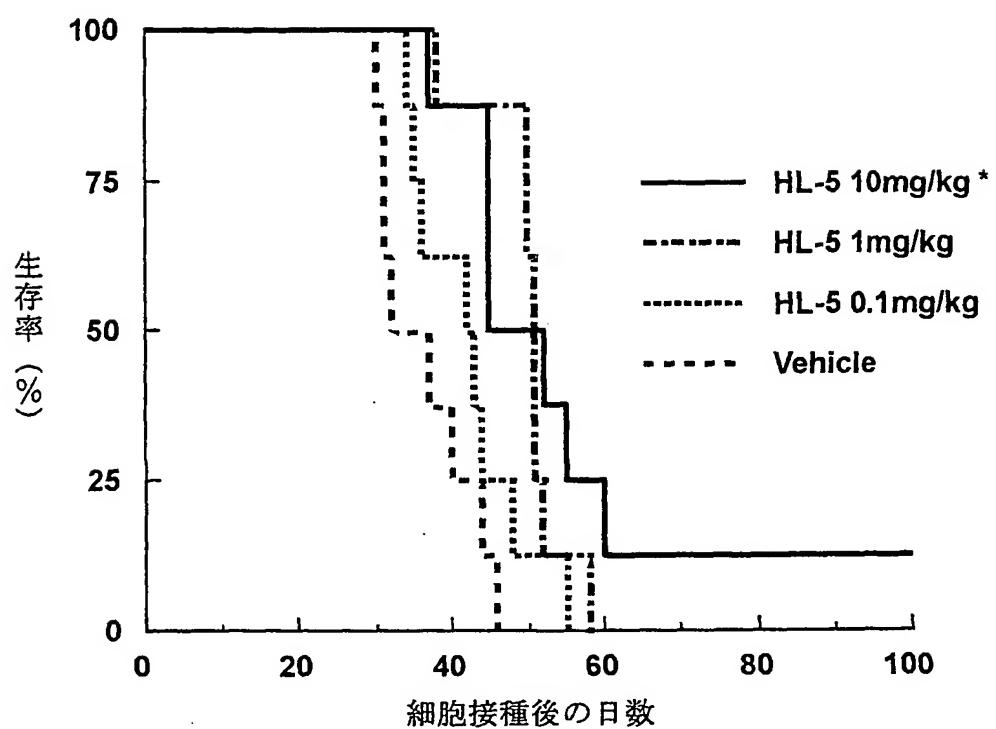
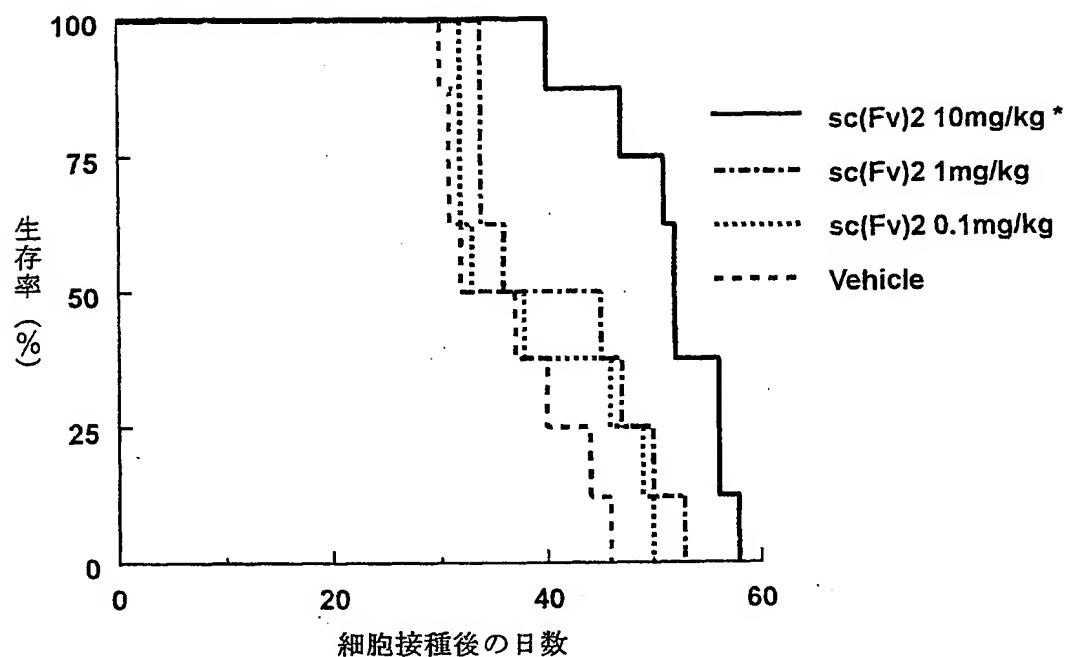


図 4 5



38/38

図 4.6



SEQUENCE LISTING

<110> CHUGAI SEIYAKU KABUSHIKI KAISHA

<120> Apoptosis-inducible polypeptide

<130> FOP-415

<141> 2001-3-12

<150> US 09/523, 095

<151> 2000-3-10

<150> JP2000-115246

<151> 2000-04-17

<150> JP2000-321822

<151> 2000-10-20

<160> 54

<210> 1

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 1

ccatcctaat acgactcact atagggc 27

<210> 2

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 2

ggatccccggg tggatggtgg gaagatg 27

<210> 3

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 3

ggatccccggg ccagtggata gacagatg 28

<210> 4

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 4

ggatccccggg agtggataga ccgatg 26

<210> 5

<211> 394

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(393)

<223> pGEM-M1L. 1-57:signal peptide, 58-394:mature peptide

<400> 5

atg aag ttg cct gtt agg ctg ttg gtg ctg atg ttc tgg att cct 45

Met Lys Leu Pro Val Arg Leu Leu Val Leu Met Phe Trp Ile Pro

5 10 15

gcg tcc agc agt gat gtt gtg atg acc caa act cca ctc tcc ctg 90

Ala Ser Ser Ser Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu

20 25 30

cct gtc agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tct agt 135

Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser

35 40 45

cag agc ctt cta cac agt aaa gga aac acc tat tta caa tgg tac 180

Gln Ser Leu Leu His Ser Lys Gly Asn Thr Tyr Leu Gln Trp Tyr

50 55 60

cta cag aag cca ggc cag tct cca aag ctc ctg atc tac aaa gtt 225

Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val

65 70 75

tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga 270

Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly

80 85 90

tca ggg aca gat ttc aca ctc aag atc agc aga gtg gag gct gag 315

Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu

95 100 105

gat ctg gga gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac 360

Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr

110 115 120

acg tcc gga ggg ggg acc aag ctg gaa ata aaa c 394

Thr Ser Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

125

130

<210> 6

<211> 409

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(408)

<223> pGEM-M1H. 1-57;signal peptide, 58-409;mature peptide

<400> 6

atg gaa tgg agc tgg ata ttt ctc ttc ctc ctg tca gga act gca 45

Met Glu Trp Ser Trp Ile Phe Leu Phe Leu Leu Ser Gly Thr Ala

5

10

15

ggt gtc cac tcc cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gac ctg 90

Gly Val His Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Asp Leu

10

25

30

gta aag cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga 135

Val Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly

35

40

45

tac acc ttc gtt aac cat gtt atg cac tgg gtg aag cag aag cca 180

Tyr Thr Phe Val Asn His Val Met His Trp Val Lys Gln Lys Pro

50

55

60

ggg cag ggc ctt gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat 225

Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp

65

70

75

5/41

ggt act aag tac aat gag aag ttc aag ggc aag gcc aca ctg act 270

Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr

80

85

90

tca gag aaa tcc tcc agc gca gcc tac atg gag ctc agc agc ctg 315

Ser Glu Lys Ser Ser Ser Ala Ala Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu

95

100

105

gcc tct gag gac tct gcg gtc tac tac tgt gca aga ggg ggt tac 360

Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr

110

115

120

tat agt tac gac gac tgg ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcc 405

Tyr Ser Tyr Asp Asp Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser

125

130

135

tca g 409

Ser

<210> 7

<211> 394

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(393)

<223> pGEM-M2L. 1-57;signal peptide, 58-394;mature peptide

<400> 7

atg aag ttg cct gtt agg ctg ttg gtg ctg atg ttc tgg att cct 45

Met Lys Leu Pro Val Arg Leu Leu Val Leu Met Phe Trp Ile Pro

5

10

15

ggt tcc agc agt gat gtt gtg atg acc caa agt cca ctc tcc ctg 90

Gly Ser Ser Ser Asp Val Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu
20 25 30
cct gtc agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tca agt 135
Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser
35 40 45
cag agc ctt gtg cac agt aat gga aag acc tat tta cat tgg tac 180
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Lys Thr Tyr Leu His Trp Tyr
50 55 60
ctg cag aag cca ggc cag tct cca aaa ctc ctg atc tac aaa gtt 225
Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val
65 70 75
tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga 270
Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly
80 85 90
tca gtg aca gat ttc aca ctc atg atc agc aga gtg gag gct gag 315
Ser Val Thr Asp Phe Thr Leu Met Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu
95 100 105
gat ctg gga gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac 360
Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr
110 115 120
acg ttc gga ggg ggg acc aag ctg gaa ata aaa c 394
Thr Phe Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
125 130

<210> 8

<211> 409

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)... (408)

<223> pGEM-M2H. 1-57;signal peptide, 58-409;mature peptide

<400> 8

atg gaa tgg agc tgg ata ttt ctc ttc ctc ctg tca gga act gca 45

Met Glu Trp Ser Trp Ile Phe Leu Phe Leu Leu Ser Gly Thr Ala

5 10 15

ggt gtc cac tcc cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gaa ctg 90

Gly Val His Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu

20 25 30

gta aag cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga 135

Val Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly

35 40 45

tac acc ttc gct aac cat gtt att cac tgg gtg aag cag aag cca 180

Tyr Thr Phe Ala Asn His Val Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro

50 55 60

ggg cag ggc ctt gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat 225

Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp

65 70 75

ggt act aag tat aat gag aag ttc aag gac aag gcc act ctg act 270

Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr

80 85 90

tca gac aaa tcc tcc acc aca gcc tac atg gac ctc agc agc ctg 315

Ser Asp Lys Ser Ser Thr Thr Ala Tyr Met Asp Leu Ser Ser Leu

95 100 105

gcc tct gag gac tct gcg gtc tat tac tgt gca aga ggg ggt tac 360

Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr

110

115

120

tat act tac gac gac tgg ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcc 405

Tyr Thr Tyr Asp Asp Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser

125

130

135

tca g 409

Ser

<210> 9

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 9

cccaagcttc caccatgaag ttgcctgtta gg 32

<210> 10

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 10

cccaagcttc caccatggaa tggagctgga ta 32

<210> 11

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 11

cgcggatcca ctcacgtttt atttccagct tggt 34

<210> 12

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 12

cgcggatcca ctcacctgag gagactgtga gagt 34

<210> 13

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 13

catgccatgg cgcaaggatcca gctgcagcag 30

<210> 14

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 14

accaccacct gaggagactg tgagagt 27

<210> 15

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 15

gtctccctcag gtggtggtgg ttcgggt 27

<210> 16

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 16

cacaacatcc gatccgccac cacccga 27

<210> 17

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 17

ggcggatcg atgttgtat gaccaa 27

<210> 18

<211> 57

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 18

ccggaattct cattatttat cgtcatcgtc tttgtagtct tttatccca gcttggt 57

<210> 19

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Linker amino acid sequence and nucleotide sequence

<400> 19

ggt ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggt tcg ggt ggc gga tcg 45

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

5

10

15

<210> 20

<211> 828

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(826)

<223> pscM1. MABL1-scFv

<400> 20

atg aaa tac cta ttg cct acg gca gcc gct gga ttg tta ttc 45

Met Lys Tyr Leu Leu Pro Thr Ala Ala Ala Gly Leu Leu Leu

5 10 15

gct gcc caa cca gcc atg gcg cag gtc cag ctg cag cag tct gga 90

Ala Ala Gln Pro Ala Met Ala Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly

20 25 30

cct gac ctg gta aag cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag 135

Pro Asp Leu Val Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys

35 40 45

gct tct gga tac acc ttc gtt aac cat gtt atg cac tgg gtg aag 180

Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Val Asn His Val Met His Trp Val Lys

50 55 60

cag aag cca ggg cag ggc ctt gag tgg att gga tat att tat cct 225

Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro

65 70 75

tac aat gat ggt act aag tac aat gag aag ttc aag ggc aag gcc 270

Tyr Asn Asp Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Gly Lys Ala

80 85 90

aca ctg act tca gag aaa tcc tcc agc gca gcc tac atg gag ctc 315

Thr Leu Thr Ser Glu Lys Ser Ser Ser Ala Ala Tyr Met Glu Leu

95 100 105

agc agc ctg gcc tct gag gac tct gcg gtc tac tac tgt gca aga 360

Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

110 115 120
ggg ggt tac tat agt tac gac gac tgg ggc caa ggc acc act ctc 405
Gly Gly Tyr Tyr Ser Tyr Asp Asp Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu
125 130 135
aca gtc tcc tca ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggt tcg ggt 450
Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly
140 145 150
ggt ggc gga tcg gat gtt gtg atg acc caa act cca ctc tcc ctg 495
Gly Gly Gly Ser Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu
155 160 165
cct gtc agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tct agt 540
Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser
170 175 180
cag agc ctt cta cac agt aaa gga aac acc tat tta caa tgg tac 585
Gln Ser Leu Leu His Ser Lys Gly Asn Thr Tyr Leu Gln Trp Tyr
185 190 195
cta cag aag cca ggc cag tct cca aag ctc ctg atc tac aaa gtt 630
Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val
200 205 210
tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga 675
Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly
215 220 225
tca ggg aca gat ttc aca ctc aag atc agc aga gtg gag gct gag 720
Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu
230 235 240
gat ctg gga gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac 765
Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr
245 250 255

acg tcc gga ggg ggg acc aag ctg gaa ata aaa gac tac aaa gac 810

Thr Ser Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr Lys Asp

260

265

270

gat gac gat aaa taa tga 828

Asp Asp Asp Lys

<210> 21

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 21

acgcgtcgac tcccagggtcc agctgcagca g 31

<210> 22

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 22

gaaggtgttat ccagaagc 18

<210> 23

<211> 819

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(813)

<223> pCHOM1. MABL1-scFv

<400> 23

atg gga tgg agc tgt atc atc ctc ttc ttg gta gca aca gct aca 45

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr

5 10 15

ggt gtc gac tcc cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gac ctg 90

Gly Val Asp Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Asp Leu

20 25 30

gta aag cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga 135

Val Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly

35 40 45

tac acc ttc gtt aac cat gtt atg cac tgg gtg aag cag aag cca 180

Tyr Thr Phe Val Asn His Val Met His Trp Val Lys Gln Lys Pro

50 55 60

ggg cag ggc ctt gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat 225

Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp

65 70 75

ggt act aag tac aat gag aag ttc aag ggc aag gcc aca ctg act 270

Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr

80 85 90

tca gag aaa tcc tcc agc gca gcc tac atg gag ctc agc agc ctg 315

Ser Glu Lys Ser Ser Ser Ala Ala Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu

95 100 105

gcc tct gag gac tct gcg gtc tac tac tgt gca aga ggg ggt tac 360

Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr

110 115 120
tat agt tac gac gac tgg ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcc 405
Tyr Ser Tyr Asp Asp Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser
125 130 135
tca ggt ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggc gga 450
Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
140 145 150
tcg gat gtt gtg atg acc caa act cca ctc tcc ctg cct gtc agt 495
Ser Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser
155 160 165
ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tct agt cag agc ctt 540
Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu
170 175 180
cta cac agt aaa gga aac acc tat tta caa tgg tac cta cag aag 585
Leu His Ser Lys Gly Asn Thr Tyr Leu Gln Trp Tyr Leu Gln Lys
185 190 195
cca ggc cag tct cca aag ctc ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga 630
Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg
200 205 210
TTT TCT GGG GTC CCA GAC AGG TTC AGT GGC AGT GGA TCA GGG ACA 675
Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Thr
215 220 225
gat ttc aca ctc aag atc agc aga gtg gag gct gag gat ctg gga 720
Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly
230 235 240
gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg tcc gga 765
Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr Ser Gly
245 250 255

ggg ggg acc aag ctg gaa ata aaa gac tac aaa gac gat gac gat 810

Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp

260

265

270

aaa taa tga 819

Lys

<210> 24

<211> 828

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(822)

<223> pscM2. MABL2-scFv

<400> 24

atg aaa tac cta ttg cct acg gca gcc gct gga ttg tta tta ctc 45

Met Lys Tyr Leu Leu Pro Thr Ala Ala Ala Gly Leu Leu Leu

5

10

15

gct gcc caa cca gcc atg gcg cag gtc cag cag ctg cag cag tct gga 90

Ala Ala Gln Pro Ala Met Ala Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly

20

25

30

cct gaa ctg gta aag cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag 135

Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys

35

40

45

gct tct gga tac acc ttc gct aac cat gtt att cac tgg gtg aag 180

Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ala Asn His Val Ile His Trp Val Lys

50

55

60

cag aag cca ggg cag ggc ctt gag tgg att gga tat att tat cct 225

Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro
65 70 75
tac aat gat ggt act aag tat aat gag aag ttc aag gac aag gcc 270
Tyr Asn Asp Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Asp Lys Ala
80 85 90
act ctg act tca gac aaa tcc tcc acc aca gcc tac atg gac ctc 315
Thr Leu Thr Ser Asp Lys Ser Ser Thr Thr Ala Tyr Met Asp Leu
95 100 105
agc agc ctg gcc tct gag gac tct gcg gtc tat tac tgt gca aga 360
Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
110 115 120
ggg ggt tac tat act tac gac gac tgg ggc caa ggc acc act ctc 405
Gly Gly Tyr Tyr Thr Tyr Asp Asp Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu
125 130 135
aca gtc tcc tca ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggt tcg ggt 450
Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly
140 145 150
ggt ggc gga tcg gat gtt gtg atg acc caa agt cca ctc tcc ctg 495
Gly Gly Gly Ser Asp Val Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu
155 160 165
cct gtc agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tca agt 540
Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser
170 175 180
cag agc ctt gtg cac agt aat gga aag acc tat tta cat tgg tac 585
Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Lys Thr Tyr Leu His Trp Tyr
185 190 195
ctg cag aag cca ggc cag tct cca aaa ctc ctg atc tac aaa gtt 630
Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val

19/41

200 205 210
tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga 675
Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly
215 220 225
tca gtg aca gat ttc aca ctc atg atc agc aga gtg gag gct gag 720
Ser Val Thr Asp Phe Thr Leu Met Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu
230 235 240
gat ctg gga gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac 765
Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr
245 250 255
acg ttc gga ggg ggg acc aag ctg gaa ata aaa gac tac aaa gac 810
Thr Phe Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr Lys Asp
260 265 270
gat gac gat aaa taa tga 828
Asp Asp Asp Lys

<210> 25

<211> 819

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(813)

<223> pCHOM2. MABL2-scFv

<400> 25

atg gga tgg agc tgt atc atc ctc ttc ttg gta gca aca gct aca 45
Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr

20/41

ggt gtc gac tcc cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gaa ctg 90
Gly Val Asp Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu

20 25 30

gta aag cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga 135
Val Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly

35 40 45

tac acc ttc gct aac cat gtt att cac tgg gtg aag cag aag cca 180
Tyr Thr Phe Ala Asn His Val Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro

50 55 60

ggg cag ggc ctt gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat 225
Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp

65 70 75

ggt act aag tat aat gag aag ttc aag gac aag gcc act ctg act 270
Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr

80 85 90

tca gac aaa tcc tcc acc aca gcc tac atg gac ctc agc agc ctg 315
Ser Asp Lys Ser Ser Thr Thr Ala Tyr Met Asp Leu Ser Ser Leu

95 100 105

gcc tct gag gac tct gcg gtc tat tac tgt gca aga ggg ggt tac 360
Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr

110 115 120

tat act tac gac gac tgg ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcc 405
Tyr Thr Tyr Asp Asp Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser

125 130 135

tca ggt ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggc gga 450
Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

140 145 150

tcg gat gtt gtg atg acc caa agt cca ctc tcc ctg cct gtc agt 495

21/41

Ser Asp Val Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser
155 160 165
ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tca agt cag agc ctt 540
Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu
170 175 180
gtg cac agt aat gga aag acc tat tta cat tgg tac ctg cag aag 585
Val His Ser Asn Gly Lys Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys
185 190 195
cca ggc cag tct cca aaa ctc ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga 630
Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg
200 205 210
ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga tca gtg aca 675
Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Val Thr
215 220 225
gat ttc aca ctc atg atc agc aga gtg gag gct gag gat ctg gga 720
Asp Phe Thr Leu Met Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly
230 235 240
gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg ttc gga 765
Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr Phe Gly
245 250 255
ggg ggg acc aag ctg gaa ata aaa gac tac aaa gac gat gac gat 810
Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp
260 265 270
aaa taa tga 819
Lys

<210> 26

<211> 456

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)... (450)

<223> pCHO-shIAP. Soluble human IAP

<400> 26

atg tgg ccc ctg gta gcg gcg ctg ttg ctg ggc tcg gcg tgc tgc 45

Met Trp Pro Leu Val Ala Ala Leu Leu Leu Gly Ser Ala Cys Cys

5 10 15

gga tca gct cag cta cta ttt aat aaa aca aaa tct gta gaa ttc 90

Gly Ser Ala Gln Leu Leu Phe Asn Lys Thr Lys Ser Val Glu Phe

20 25 30

acg ttt tgt aat gac act gtc gtc att cca tgc ttt gtt act aat 135

Thr Phe Cys Asn Asp Thr Val Val Ile Pro Cys Phe Val Thr Asn

35 40 45

atg gag gca caa aac act act gaa gta tac gta aag tgg aaa ttt 180

Met Glu Ala Gln Asn Thr Thr Glu Val Tyr Val Lys Trp Lys Phe

50 55 60

aaa gga aga gat att tac acc ttt gat gga gct cta aac aag tcc 225

Lys Gly Arg Asp Ile Tyr Thr Phe Asp Gly Ala Leu Asn Lys Ser

65 70 75

act gtc ccc act gac ttt agt agt gca aaa att gaa gtc tca caa 270

Thr Val Pro Thr Asp Phe Ser Ser Ala Lys Ile Glu Val Ser Gln

80 85 90

tta cta aaa gga gat gcc tct ttg aag atg gat aag agt gat gct 315

Leu Leu Lys Gly Asp Ala Ser Leu Lys Met Asp Lys Ser Asp Ala

95 100 105

gtc tca cac aca gga aac tac act tgt gaa gta aca gaa tta acc 360
Val Ser His Thr Gly Asn Tyr Thr Cys Glu Val Thr Glu Leu Thr
110 115 120
aga gaa ggt gaa acg atc atc gag cta aaa tat cgt gtt gtt tca 405
Arg Glu Gly Glu Thr Ile Ile Glu Leu Lys Tyr Arg Val Val Ser
125 130 135
tgg ttt tct cca aat gaa aat gac tac aag gac gac gat gac aag 450
Trp Phe Ser Pro Asn Glu Asn Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys
140 145 150
tga tag 456

<210> 27

<211> 46

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 27

ggaattccat atgcaagtgc aacttcaaca gtctggacct gaactg 46

<210> 28

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 28

ggaattctca ttatTTTATT TCCAGCTGG T 31

<210> 29

<211> 741

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(735)

<223> pscM2DEm02. MABL2-scFv

<400> 29

atg caa gtg caa ctt caa cag tct gga cct gaa ctg gta aag cct 45

Met Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro

5 10 15

ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga tac acc ttc 90

Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe

20 25 30

gct aac cat gtt att cac tgg gtg aag cag aag cca ggg cag ggc 135

Ala Asn His Val Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly

35 40 45

ctt gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat ggt act aag 180

Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp Gly Thr Lys

50 55 60

tat aat gag aag ttc aag gac aag gcc act ctg act tca gac aaa 225

Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp Lys

65 70 75

tcc tcc acc aca gcc tac atg gac ctc agc agc ctg gcc tct gag 270

Ser Ser Thr Thr Ala Tyr Met Asp Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu

80 85 90

gac tct gcg gtc tat tac tgt gca aga ggg ggt tac tat act tac 315
Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr Tyr Thr Tyr
95 100 105

gac gac tgg ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcc tca ggt ggt 360
Asp Asp Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser Gly Gly
110 115 120

ggt ggt tcg ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggc gga tcg gat gtt 405
Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Ser Asp Val
125 130 135

gtg atg acc caa agt cca ctc tcc ctg cct gtc agt ctt gga gat 450
Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp
140 145 150

caa gcc tcc atc tct tgc aga tca agt cag agc ctt gtg cac agt 495
Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser
155 160 165

aat gga aag acc tat tta cat tgg tac ctg cag aag cca ggc cag 540
Asn Gly Lys Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
170 175 180

tct cca aaa ctc ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga ttt tct ggg 585
Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly
185 190 195

gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga tca gtg aca gat ttc aca 630
Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Val Thr Asp Phe Thr
200 205 210

ctc atg atc agc aga gtg gag gct gag gat ctg gga gtt tat ttc 675
Leu Met Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe
215 220 225

tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg ttc gga ggg ggg acc 720

Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Thr

230

235

240

aag ctg gaa ata aaa taa tga 741

Lys Leu Glu Ile Lys

<210> 30

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 30

cagacagtgg ttcaaagt 18

<210> 31

<211> 72

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 31

cgcgtcgacc gatccgccac cacccgaacc accaccaccc gaaccaccac cacctttat 60

ttccagcttg gt

72

<210> 32

<211> 1605

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)... (1599)

<223> pCHOM2(Fv) 2. MABL2-sc(Fv) 2

<400> 32

atg gga tgg agc tgt atc atc ctc ttc ttg gta gca aca gct aca 45

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr

5 10 15

ggt gtc gac tcc cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gaa ctg 90

Gly Val Asp Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu

20 25 30

gta aag cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga 135

Val Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly

35 40 45

tac acc ttc gct aac cat gtt att cac tgg gtg aag cag aag cca 180

Tyr Thr Phe Ala Asn His Val Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro

50 55 60

ggg cag ggc ctt gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat 225

Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp

65 70 75

ggt act aag tat aat gag aag ttc aag gac aag gcc act ctg act 270

Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Asp Lys Ala Thr Leu Thr

80 85 90

tca gac aaa tcc tcc acc aca gcc tac atg gac ctc agc agc ctg 315

Ser Asp Lys Ser Ser Thr Thr Ala Tyr Met Asp Leu Ser Ser Leu

95 100 105

gcc tct gag gac tct gcg gtc tat tac tgt gca aga ggg ggt tac 360

Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr

110 115 120
tat act tac gac gac tgg ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcc 405
Tyr Thr Tyr Asp Asp Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser
125 130 135
tca ggt ggt ggt ggt tcg ggt ggt tcg ggt ggt ggc gga 450
Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly
140 145 150
tcg gat gtt gtg atg acc caa agt cca ctc tcc ctg cct gtc agt 495
Ser Asp Val Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser
155 160 165
ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tca agt cag agc ctt 540
Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu
170 175 180
gtg cac agt aat gga aag acc tat tta cat tgg tac ctg cag aag 585
Val His Ser Asn Gly Lys Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys
185 190 195
cca ggc cag tct cca aaa ctc ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga 630
Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg
200 205 210
ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga tca gtg aca 675
Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Val Thr
215 220 225
gat ttc aca ctc atg atc agc aga gtg gag gct gag gat ctg gga 720
Asp Phe Thr Leu Met Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly
230 235 240
gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg ttc gga 765
Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr Phe Gly
245 250 255

ggg ggg acc aag ctg gaa ata aaa ggt ggt ggt tcg ggt ggt 810

Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly Gly Gly Ser Gly Gly

260

265

270

ggt ggt tcg ggt ggt ggc gga tcg gtc gac tcc cag gtc cag ctg 855

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Val Asp Ser Gln Val Gln Leu

275

280

285

cag cag tct gga cct gaa ctg gta aag cct ggg gct tca gtg aag 900

Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys

290

295

300

atg tcc tgc aag gct tct gga tac acc ttc gct aac cat gtt att 945

Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ala Asn His Val Ile

305

310

315

cac tgg gtg aag cag aag cca ggg cag ggc ctt gag tgg att gga 990

His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly

320

325

330

tat att tat cct tac aat gat ggt act aag tat aat gag aag ttc 1035

Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe

335

340

345

aag gac aag gcc act ctg act tca gac aaa tcc tcc acc aca gcc 1080

Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp Lys Ser Ser Thr Thr Ala

350

355

360

tac atg gac ctc agc agc ctg gcc tct gag gac tct gcg gtc tat 1125

Tyr Met Asp Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr

365

370

375

tac tgt gca aga ggg ggt tac tat act tac gac gac tgg ggc caa 1170

Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr Tyr Thr Asp Asp Trp Gly Gln

380

385

390

ggc acc act ctc aca gtc tcc tca ggt ggt ggt tcg ggt ggt 1215

Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
395 400 405
ggt ggt tcg ggt ggt ggc gga tcg gat gtt gtg atg acc caa agt 1260
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Asp Val Val Met Thr Gln Ser
410 415 420
cca ctc tcc ctg cct gtc agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct 1305
Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser
425 430 435
tgc aga tca agt cag agc ctt gtg cac agt aat gga aag acc tat 1350
Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Lys Thr Tyr
440 445 450
tta cat tgg tac ctg cag aag cca ggc cag tct cca aaa ctc ctg 1395
Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu
455 460 465
atc tac aaa gtt tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc 1440
Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe
470 475 480
agt ggc agt gga tca gtg aca gat ttc aca ctc atg atc agc aga 1485
Ser Gly Ser Gly Ser Val Thr Asp Phe Thr Leu Met Ile Ser Arg
485 490 495
gtg gag gct gag gat ctg gga gtt tat ttc tgc tct caa agt aca 1530
Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr
500 505 510
cat gtt ccg tac acg ttc gga ggg ggg acc aag ctg gaa ata aaa 1575
His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
515 520 525
gac tac aaa gac gat gac gat aaa taa tga 1605
Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys

530

<210> 33
<211> 23
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> PCR primer

<400> 33
tgaggaattc ccaccatggg atg 33

<210> 34
<211> 40
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> PCR primer

<400> 34
cacgacgtca ctcgagactg tgagagtgg gccttggccc 40

<210> 35
<211> 40
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> PCR primer

<400> 35
agtctcgagt gacgtcgta tgacccaaag tccactctcc 40

<210> 36

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 36

gactggatcc tcattattta tcgtcatcgt c 31

<210> 37

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 37

cgcgttaatac gactcaatat ag 22

<210> 38

<211> 46

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 38

gcaattggac ctgttttatac tcgagcttgg tccccctcc gaacgt 46

<210> 39

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 39

gctcgagata aaacaggatcc aattgcagca gtctggacct gaact 45

<210> 40

<211> 60

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 40

gactggatcc tcattatcta tcgtcatcgt cttttagtc tgaggagact gtgagagtgg 60

<210> 41

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 41

gactgaattc ccaccatcaa gttgcctgtt ag 32

<210> 42

<211> 40

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 42

cagtctcgag tggtggttcc gacgtcgtga tgacccaaag 40

<210> 43

<211> 43

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 43

cagtctcgag tggtggtggt tccgacgtcg tcatgaccca aag 43

<210> 44

<211> 46

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 44

cagtctcgag tggtggtggt gggtccgacg tcgtatgac ccaaag 46

<210> 45

<211> 49

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 45

cagtctcgag tggtggtggt ggtggttccg acgtcgtgat gacccaaag 49

<210> 46

<211> 52

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 46

cagtctcgag tggtggtggt ggtggtggtt ccgacgtcgt gatgacccaa ag 52

<210> 47

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 47

ggccgcatgt tgtcacgaat 20

<210> 48

<211> 780

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(768)

<223> CF2HL-0/pCOS1. MABL2-scFv<HL-0>

<400> 48

atg gga tgg agc tgt atc atc ctc ttc ttg gta gca aca gct aca ggt gtc 51
MET Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly Val

5 10 15

gac tcc cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gaa ctg gta aag cct ggg 102
Asp Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly

20 25 30

gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga tac acc ttc get aac cat 153
Ala Ser Val Lys MET Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ala Asn His

35 40 45 50

gtt att cac tgg gtg aag cag aag cca ggg cag ggc ctt gag tgg att gga 204
Val Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly

55 60 65

tat att tat cct tac aat gat ggt act aag tat aat gag aag ttc aag gac 255
Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Asp

70 75 80 85

aag gcc act ctg act tca gac aaa tcc tcc acc aca gcc tac atg gac ctc 306
Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp Lys Ser Ser Thr Thr Ala Tyr MET Asp Leu

90 95 100

agc agc ctg gcc tct gag gac tct gcg gtc tat tac tgt gca aga ggg ggt 357
Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly

105 110 115

tac tat act tac gac gac tgg ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcg agt 408

Tyr Tyr Thr Tyr Asp Asp Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser
120 125 130 135
gac gtc gtg atg acc caa agt cca ctc tcc ctg cct gtc agt ctt gga gat 459
Asp Val Val MET Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp
140 145 150
caa gcc tcc atc tct tgc aga tca agt cag agc ctt gtg cac agt aat gga 510
Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly
155 160 165 170
aag acc tat tta cat tgg tac ctg cag aag cca ggc cag tct cca aaa ctc 561
Lys Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu
175 180 185
ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt 612
Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
190 195 200
ggc agt gga tca gtg aca gat ttc aca ctc atg atc agc aga gtg gag gct 663
Gly Ser Gly Ser Val Thr Asp Phe Thr Leu MET Ile Ser Arg Val Glu Ala
205 210 215 220
gag gat ctg gga gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg 714
Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr
225 230 235
ttc gga ggg ggg acc aag ctg gaa ata aaa gac tac aaa gac gat gac gat 765
Phe Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp
240 245 250 255
aaa taa tga gga tcc 780
Lys

<210> 49

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 49

caagctcgag ataaaatccg gaggccaggt ccaattgcag cagtc 45

<210> 50

<211> 48

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 50

caagctcgag ataaaatccg gaggtggcca ggtccaattt cagcagtc 48

<210> 51

<211> 51

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 51

caagctcgag ataaaatccg gaggtggtgg ccaggtccaa ttgcagcagt c 51

<210> 52

<211> 54

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 52

caagctcgag ataaaatccg gaggtggtgg tggccaggc caattgcagc agtc 54

<210> 53

<211> 57

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 53

caagctcgag ataaaatccg gaggtggtgg tggccaggc gtccaaattgc agcagtc 57

<210> 54

<211> 780

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(768)

<223> CP2LH-0/pCOS1. MABL2-scFv<LH-0>

<400> 54

atg aag ttg cct gtt agg ctg ttg gtg ctg atg ttc tgg att cct ggt tcc 51

MET Lys Leu Pro Val Arg Leu Leu Val Leu MET Phe Trp Ile Pro Gly Ser

5

10

15

agc agt gat gtt gtg atg acc caa agt cca ctc tcc ctg cct gtc agt ctt 102

Ser Ser Asp Val Val MET Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu
20 25 30
gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tca agt cag agc ctt gtg cac agt 153
Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser
35 40 45 50
aat gga aag acc tat tta cat tgg tac ctg cag aag cca ggc cag tct cca 204
Asn Gly Lys Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro
55 60 65
aaa ctc ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg 255
Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg
70 75 80 85
ttc agt ggc agt gga tca gtg aca gat ttc aca ctc atg atc agc aga gtg 306
Phe Ser Gly Ser Gly Ser Val Thr Asp Phe Thr Leu MET Ile Ser Arg Val
90 95 100
gag gct gag gat ctg gga gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg 357
Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro
105 110 115
tac acg ttc gga ggg acc aag ctc gag ata aaa cag gtc caa ttg cag 408
Tyr Thr Phe Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gln Val Gln Leu Gln
120 125 130 135
cag tct gga cct gaa ctg gta aag cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc 459
Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys MET Ser Cys
140 145 150
aag gct tct gga tac acc ttc gct aac cat gtt att cac tgg gtg aag cag cag 510
Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ala Asn His Val Ile His Trp Val Lys Gln
155 160 165 170
aag cca ggg cag ggc ctt gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat 561
Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp

175	180	185
ggt act aag tat aat gag aag ttc aag gac aag gcc act ctg act tca gac 612		
Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp		
190	195	200
aaa tcc tcc acc aca gcc tac atg gac ctc agc agc ctg gcc tct gag gac 663		
Lys Ser Ser Thr Thr Ala Tyr MET Asp Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp		
205	210	215
tct gcg gtc tat tac tgt gca aga ggg ggt tac tat act tac gac gac tgg 714		
Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr Tyr Thr Tyr Asp Asp Trp		
225	230	235
ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcc tca gac tac aaa gac gat gac gat 765		
Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp		
240	245	250
aaa taa tga gga tcc 780		
Lys		

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP01/01912

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl' C12N15/12, C07K16/18, A61K39/395, A61K38/03, A61P35/02

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl' C12N15/12, C07K16/18, A61K39/395, A61K38/03, A61P35/02

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

CAPLUS/MEDLINE/BIOSIS (STN)

SwissProt/PIR/Geneseq

Genbank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
PX	WO, 00/53634, A1 (Chugai Seiyaku Kabushiki Kaisha), 14 September, 2000 (14.09.00), Claims; Figs. 4 to 6; working example 5 (Family: none)	1-16
X	WO, 99/12973, A1 (Chugai Seiyaku Kabushiki Kaisha), 18 March, 1999 (18.03.99), Figs. 23, 24, 27 to 29; working examples 4, 5 & AU, 9890028, A1 & JP, 11-155569, A & EP, 1035132, A1	1,2,12-15
Y	Mateo, V. et al., "CD47 ligation induces caspase-independent cell death in chronic lymphocytic leukemia", Nature Medicine, (November, 1999), Vol. 5, No. 11, pages 1277 to 1284 abstract; page 1279, left column, line 6 to right column, line 3; Fig. 3	3-11,16
X		1,2,12-15
Y		3-11,16

 Further documents are listed in the continuation of Box C. See patent family annex.

"A"	Special categories of cited documents: document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance	"T"	later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"E"	earlier document but published on or after the international filing date	"X"	document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"L"	document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)	"Y"	document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"O"	document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means	"&"	document member of the same patent family
"P"	document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed		

Date of the actual completion of the international search
18 May, 2001 (18.05.01)Date of mailing of the international search report
29 May, 2001 (29.05.01)Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP01/01912

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	Petersen, R. D. et al., "CD47 signals T cell death", J. Immunol. (15 June, 1999), Vol. 162, No. 12, pages 7031-7040 abstract; page 7032, right column, Par. No. [0002] to page 7033, left column, Par. No. [0001]	1-16
Y	US, 4946778, A (Genex Corporation), 07 August, 1990 (07.08.90), Full text & US, 5260203, A & US, 5455030, A & US, 5869620, A & US, 5518889, A & US, 5534621, A	1-16
A	EP, 903149, A1 (Chugai Seiyaku Kabushiki Kaisha), 24 March, 1999 (24.03.99), Claims & JP, 9-295999, A & WO, 97/32601, A1	1-16

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. C17 C12N15/12, C07K16/18, A61K39/395, A61K38/03,
A61P35/02

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. C17 C12N15/12, C07K16/18, A61K39/395, A61K38/03,
A61P35/02

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

CAPLUS/MEDLINE/BIOSIS (STN)

SwissProt/PIR/Geneseq

Genbank/EMBL/DDBJ/GenSeq

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
PX	WO, 00/53634, A1 (Chugai Seiyaku Kabushiki Kaisha), 14.9月.2000 (14.09.00), 請求の範囲, 図4-6, 実施例5参照, ファミリーなし	1-16
X -	WO, 99/12973, A1 (Chugai Seiyaku Kabushiki Kaisha), 18.3月.1999 (18.03.99), 図23, 24, 27-29, 実施例4, 5参照 & AU, 9890028, A1 & JP, 11-155569, A & EP, 1035132, A1	1, 2, 12-15
Y		3-11, 16

 C欄の続きにも文献が列挙されている。 パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

- 「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの
- 「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの
- 「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献（理由を付す）
- 「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献
- 「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願
- 日の後に公表された文献
- 「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの
- 「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの
- 「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの
- 「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日 18. 05. 01	国際調査報告の発送日 29.05.01
国際調査機関の名称及びあて先 日本国特許庁 (ISA/JP) 郵便番号 100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号	特許庁審査官 (権限のある職員) 新留 豊 電話番号 03-3581-1101 内線 3448

C(続き)	関連すると認められる文献	関連する 請求の範囲の番号
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	
X	Mateo, V. et al., 'CD47 ligation induces caspase-independent cell death in chronic lymphocytic leukemia' Nature Medicine (1999 Nov), Vol. 5, No. 11, pp. 1277-84 要約、第1279頁左欄第6行—右欄第3行、図3参照	1, 2, 12-15
-		—
Y	Pettersen, R. D. et al., 'CD47 signals T cell death' J. Immunol. (1999 Jun 15) Vol. 162, No. 12, pp. 7031-40 要約、第7032頁右欄第2段落—第7033頁左欄第1段落参照	3-11, 16
Y	US, 4946778, A (Genex Corp.), 7.8月.1990 (07.08.90), 全文参照 & US, 5260203, A & US, 5455030, A & US, 5869620, A & US, 5518889, A & US, 5534621, A	1-16
A	EP, 903149, A1 (Chugai Seiyaku Kabushiki Kaisha), 24.3月.1999 (24.03.99), 請求の範囲参照 & JP, 9-295999, A & WO, 97/32601, A1	1-16